



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C12N 15/12, 15/86, 5/10, C07K 14/47, 14/82, A61K 39/395, 48/00, C12Q 1/68, G01N 33/574, 33/68	A2	(11) Numéro de publication internationale: WO 97/22695 (43) Date de publication internationale: 26 juin 1997 (26.06.97)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR96/02061 (22) Date de dépôt international: 20 décembre 1996 (20.12.96) (30) Données relatives à la priorité: 95/15146 20 décembre 1995 (20.12.95) FR 96/04853 18 avril 1996 (18.04.96) FR (71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): FONDATION JEAN DAUSSET-CEPH [FR/FR]; 27, rue Juliette-Dodu, F- 75010 Paris (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): TALERMAN, Adam [FR/FR]; 12, rue de la Chaise, F-75007 Paris (FR). AMSON, Robert [FR/FR]; 10, rue Gay-Lussac, F-75005 Paris (FR). COHEN, Daniel [FR/FR]; 3, rue de l'Orme-au-Mesnier, F- 91600 Savigny-sur-Orge (FR). (74) Mandataires: MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet Regim- beau, 26, avenue Kléber, F-75116 Paris (FR).		(81) Etats désignés: CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Publiée <i>Sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport.</i>
(54) Title: NUCLEOTIDE SEQUENCES, PROTEINS, DRUGS AND DIAGNOSTIC AGENTS FOR TREATING CANCER (54) Titre: SEQUENCES NUCLEOTIDIQUES, PROTEINES, MEDICAMENTS ET AGENTS DIAGNOSTIQUES UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER (57) Abstract <p>A nucleotide sequence corresponding to a gene comprising (a) one of sequences SEQ ID 1 to 11, or an equivalent gene which comprises (b) a sequence hybridisable with one of the sequences of (a), (c) a sequence at least 80 % homologous with (a) or (b), or (d) a sequence coding for a protein encoded by a gene according to (a), (b) or (c), or for an equivalent protein, and the use thereof, in particular for controlling cancer as well as for therapeutic follow-up. These genes are in the TSAP (tumor suppressor activated pathway) group, designated TSAP 1 to TSAP 8 and TSAP 3 human (or HUMSIAH) and in TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) group, designated TSIP 1 and TSIP 2, both types of genes corresponding to sequences activated or inhibited, respectively, during cellular apoptosis, particularly that induced by p53.</p> (57) Abrégé <p>La présente invention concerne une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant: (a) une séquence selon l'une des IND. SEQ 1 à 11 ou un gène équivalent qui comporte: (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a), (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente, et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique. Ces gènes regroupés en TSAP (tumor suppressor activated pathway) et dénommés TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain (ou HUMSIAH), et en TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, ces deux types de gènes correspondant respectivement à des séquences induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.</p>		

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Arménie	GB	Royaume-Uni	MW	Malawi
AT	Autriche	GE	Géorgie	MX	Mexique
AU	Australie	GN	Guinée	NE	Niger
BB	Barbade	GR	Grèce	NL	Pays-Bas
BE	Belgique	HU	Hongrie	NO	Norvège
BF	Burkina Faso	IE	Irlande	NZ	Nouvelle-Zélande
BG	Bulgarie	IT	Italie	PL	Pologne
BJ	Bénin	JP	Japon	PT	Portugal
BR	Brésil	KE	Kenya	RO	Roumanie
BY	Bélarus	KG	Kirghizistan	RU	Fédération de Russie
CA	Canada	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CF	République centrafricaine	KR	République de Corée	SE	Suède
CG	Congo	KZ	Kazakhstan	SG	Singapour
CH	Suisse	LI	Liechtenstein	SI	Slovénie
CI	Côte d'Ivoire	LK	Sri Lanka	SK	Slovaquie
CM	Cameroun	LR	Libéria	SN	Sénégal
CN	Chine	LT	Lituanie	SZ	Swaziland
CS	Tchécoslovaquie	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CZ	République tchèque	LV	Lettonie	TG	Togo
DE	Allemagne	MC	Monaco	TJ	Tadjikistan
DK	Danemark	MD	République de Moldova	TT	Trinité-et-Tobago
EE	Estonie	MG	Madagascar	UA	Ukraine
ES	Espagne	ML	Mali	UG	Ouganda
FI	Finlande	MN	Mongolie	US	Etats-Unis d'Amérique
FR	France	MR	Mauritanie	UZ	Ouzbékistan
GA	Gabon			VN	Viet Nam

*SÉQUENCES NUCLÉOTIDIQUES, PROTÉINES, MÉDICAMENTS ET AGENTS
DIAGNOSTICS UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER.*

La présente invention concerne la mise en évidence de gènes impliqués dans les voies moléculaires de la suppression tumorale et l'utilisation des gènes ainsi mis en évidence pour le traitement de certains dysfonctionnements géniques, notamment les cancers.

La présente invention a été rendue possible par l'isolement d'ADNc correspondant à des ARN messagers exprimés ou réprimés lors du processus d'apoptose induit par le gène suppresseur p53.

Une analyse globale des événements moléculaires intervenant au cours du cycle cellulaire lors du développement et de l'apoptose cellulaire est nécessaire pour mieux comprendre l'importance du gène p53 dans le processus de suppression tumorale ou, au contraire, de cancérisation.

La transformation d'une cellule normale en cellule tumorale est un processus qui se déroule en plusieurs étapes et qui nécessite une suite d'événements moléculaires. Au niveau physiologique, ces événements se traduiront par une indépendance de la cellule tumorale vis-à-vis des signaux extérieurs ainsi que par une dérégulation interne menant à une croissance incontrôlée.

Deux groupes de gènes sont responsables de cette transformation dite "maligne", d'une part, les oncogènes, d'autre part, les gènes suppresseurs ou anti-oncogènes. Les oncogènes, en raison de leur dérégulation dans le cancer (résultant le plus souvent d'une mutation ou d'une translocalisation) induiront un signal positif qui favorisera la croissance néoplasique. Au contraire, les gènes suppresseurs, du fait de leur délétion, de l'absence de leur expression par mutation du promoteur, par exemple, ou encore de mutations qui modifieront la structure et la fonction de la protéine, seront incapables dans le cancer de fournir le signal qui lui, normalement, devrait freiner cette croissance anormale. En conséquence, le dysfonctionnement des gènes suppresseurs contribue à la transformation néoplasique.

L'objet de la présente invention est l'isolement de gènes ayant normalement une action dans la suppression tumorale et dont il sera alors possible de surveiller et de traiter les éventuels dysfonctionnements.

En particulier, l'isolement de ces gènes permet d'avoir recours à une thérapie génique de remplacement ou bien à la synthèse d'agents pharmacologiques, protéiques ou non protéiques, qui, directement ou

indirectement, par leur action sur les promoteurs, induiront l'activation et l'expression de ces gènes, ou encore la synthèse d'agents pharmacologiques qui permettront de mimer l'effet physiologique de ces gènes suppresseurs.

L'objectif final est, soit d'inhiber la croissance tumorale, ou mieux, d'induire le processus apoptotique de ces cellules tumorales, c'est-à-dire de conduire les cellules tumorales à se "suicider".

La présente invention concerne la mise en évidence de gènes qui sont impliqués dans cette apoptose. En effet, chaque cellule possède en elle un programme de mort physiologique. Il s'agit également d'un processus physiologique qui est impliqué dans le développement afin de maintenir l'homéostasie du corps et de ne pas voir des proliférations cellulaires anormales s'établir, même si, au demeurant, elles n'ont pas de caractère malin.

L'un des gènes suppresseurs les plus importants impliqués dans l'apoptose est le gène p53. Dans sa fonction normale, ce gène contrôle la croissance cellulaire et le processus d'apoptose ; en particulier, c'est ce gène qui bloque la croissance cellulaire et qui doit induire le processus apoptotique afin d'éviter le développement d'un cancer. On a ainsi mis en évidence que des souris nullizygotes pour le p53 étaient beaucoup plus sensibles à la formation de tumeurs. On a également mis en évidence le fait que, dans les cancers, le gène p53 était très souvent altéré et conduisait à la production de protéines incapables de véhiculer le message d'apoptose.

C'est cette particularité qui a été mise en oeuvre dans le cadre de la présente invention.

En effet, la présente invention repose sur la constatation qu'il n'est pas possible, ou du moins qu'il paraît très difficile, de mettre en place une thérapie de substitution directe lors d'un dysfonctionnement du gène p53. En effet, le p53 muté comme il l'est dans le cancer va annuler l'effet physiologique du p53 normal.

Il a donc fallu renoncer, du moins dans un premier temps, à une thérapie de substitution agissant directement au niveau de p53.

La présente invention s'est donc attachée à étudier les gènes situés en aval de p53 afin de "bipasser" la difficulté évoquée précédemment.

Afin d'isoler les gènes activés ou inhibés par le p53 normal (wild-type p53) on a effectué un ratissage global de l'expression des gènes dans une cellule induite en apoptose et dans la même cellule maligne, plus particulièrement dans une cellule exprimant le p53 normal dans sa fonction

et dans une cellule exprimant le p53 muté dont la fonction est oncogénique. La comparaison des gènes exprimés (ARN messagers exprimés dans les deux types de cellule) a permis de mettre en évidence des gènes exprimés différemment, c'est-à-dire exprimés dans l'une des cellules alors qu'ils ne le sont pas dans l'autre (les gènes peuvent être activés ou inhibés).

On en déduit aisément que ces gènes sont impliqués dans le processus de cancérisation, dans un cas par leur absence, et, dans l'autre cas, par leur présence.

Pour cette étude différentielle, la méthode utilisée est la méthode décrite en 1992 par Liang et Pardee (Differential display of eucaryotic mRNA by mean of a polymerase chain reaction).

Jusqu'à présent, l'isolement des gènes impliqués dans la suppression était effectué soit par clonage positionnel, soit par l'emploi des doubles hybrides. La première méthode permettait, par un calcul statistique, de calculer la plus haute probabilité où pouvait se localiser, au niveau chromosomique, un gène suppresseur candidat pour un type bien particulier de cancer, surtout ceux d'origines familiales. Le système de doubles hybrides permet d'isoler une à une les protéines qui interagissent avec un gène donné.

L'approche du problème selon la présente invention a permis d'isoler des séquences directement reliées à une fonction. Dès lors, au contraire du séquençage aléatoire des EST, les séquences sont des séquences dont la fonction est connue et qui sont impliquées dans le processus d'apoptose induit par le gène suppresseur p53.

De façon plus précise, cette méthode a été utilisée sur un modèle cellulaire décrit par Moshe Oren, il s'agit de cellules myéloïdes tumorales de souris qui ont été transfectées par un mutant stable du gène p53. En fait, l'expression de ce gène est thermosensible, c'est-à-dire que dans des conditions de culture cellulaire à 37°C la protéine produite est une protéine mutée, c'est-à-dire qu'elle ne peut jouer le rôle de suppresseur de tumeur et donc que la lignée cellulaire correspondante se développe sous forme de cellule maligne, alors qu'à la température de 32°C la protéine p53 exprimée, comme la protéine naturelle, est capable de jouer le rôle de suppresseur et empêche la lignée cellulaire correspondante de devenir maligne.

Cette étude systématique a permis de mettre en évidence les gènes impliqués dans la cascade de suppression induite par p53.

C'est pourquoi la présente invention concerne ces nouvelles séquences et les gènes les comportant ainsi que l'utilisation de ces séquences, tant au niveau du diagnostic qu'au niveau de la thérapie, de même que pour la réalisation de modèles destinés à tester des produits anti-cancéreux.

5 La présente invention concerne tout d'abord une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :

- (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 1 à 10 ou un gène équivalent qui comporte :
 - (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
 - 10 (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou
 - (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,
- et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans
- 15 le suivi thérapeutique.

De plus, la présente invention concerne un gène humain impliqué dans la cascade de suppression induite par p53 ainsi que l'utilisation des séquences de ce gène, tant au niveau du diagnostic qu'au niveau de la thérapie, de même que pour la réalisation de modèles destinés à tester des

20 produits anti-cancéreux ainsi que leur application à titre d'agent antiviral.

La présente invention concerne donc également une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :

- (a) une séquence selon l'IND.SEQ 11 correspondant au gène TSAP 3 humain ou HUMSIAH (Human Homologue of the Drosophila seven in absentia gene), ou un gène équivalent qui comporte :
- 25 (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
- (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou
- (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon
- 30 (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,

et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique.

Concernant les séquences 1 à 11, la présente invention couvre aussi bien la séquence nucléotidique correspondant au gène entier que des

35 fragments de ce gène, notamment lorsqu'ils codent pour une protéine équivalente comme cela sera décrit ci-après.

Les séquences nucléotidiques peuvent être aussi bien de l'ADN que de l'ARN ou des séquences dans lesquelles certains des nucléotides sont non naturels, soit pour améliorer leurs propriétés pharmacologiques, soit pour permettre leur identification.

5 Les séquences mentionnées en (b) (pour les IND.SEQ 1 à 11) sont essentiellement les séquences complémentaires totales ou partielles (notamment pour les cas évoqués précédemment).

10 Les séquences (a) et (b) (pour les IND.SEQ 1 à 10) permettent non seulement l'accès au gène murin dont elles sont issues, mais également aux gènes humains correspondant par homologie.

Ainsi, l'invention concerne également les séquences nucléotidiques des gènes présentant une forte homologie avec les gènes mentionnés précédemment, de préférence une homologie supérieure à 80 % sur les parties essentielles desdits gènes, soit en général au moins 50 % de la
15 séquence, de préférence l'homologie sera sur ces parties supérieure à 90 %.

Enfin, lorsque lesdits gènes codent pour une protéine, la présente invention concerne également les séquences codant pour la même protéine, compte tenu de la dégénérescence du code génétique, mais également pour les protéines équivalentes, c'est-à-dire produisant les mêmes effets,
20 notamment les protéines délétées et/ou ayant subi des mutations ponctuelles.

Les séquences selon la présente invention sont plus particulièrement les séquences qui sont induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.

Lesdits gènes sont regroupés en TSAP ou "Tumor Suppressor
25 Activated Pathway" et dénommés de TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain, correspondant aux IND.SEQ 1 à 8 et 11 (HUMSIAH) respectivement, et en TSIP ou "Tumor Suppressor Inhibited Pathway" et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, correspondant aux IND.SEQ 9 et 10.

30 Les caractéristiques des séquences correspondent aux IND.SEQ 1 à 10 sont rassemblées dans le tableau ci-annexé.

Les séquences nucléotidiques correspondant aux gènes TSAP (y compris le TSAP 3 humain ou HUMSIAH), sont des séquences exprimées lors du processus d'apoptose alors que lorsqu'ils ne sont pas exprimés le processus d'oncogénèse se poursuit. Il est donc intéressant :

- 35 - de détecter toute anomalie dans le gène correspondant, laquelle peut conduire à une plus grande susceptibilité à l'oncogénèse, et
- de pouvoir prévoir une thérapie de remplacement.

Il faut d'ailleurs rappeler que ces gènes peuvent intervenir dans d'autres processus que les processus oncogènes ; en effet, p53 est en quelque sorte le gardien de l'intégrité du génome, dans ces conditions les gènes TSAP ou TSIP sont sans doute également impliqués dans cette fonction de contrôle, c'est donc l'ensemble des altérations possibles du génome qui peuvent être redevables de la détection et de la thérapie précédente. Au contraire, les gènes TSIP sont exprimés lors de l'oncogénèse et non lors de l'apoptose, il est donc là aussi intéressant de détecter l'éventuelle anomalie des TSIP et également de prévoir une thérapie d'inhibition/blocage.

La thérapie de remplacement pourra être effectuée par thérapie génique, c'est-à-dire en introduisant le gène TSAP avec les éléments qui permettent son expression in vivo. Les principes de la thérapie génique sont connus. On peut utiliser des vecteurs particuliers, viraux ou non viraux, par exemple des adénovirus, rétrovirus, virus herpès ou poxvirus. La plupart du temps ces vecteurs sont utilisés sous forme défectifs qui serviront de véhicules d'expression de TSAP avec ou sans intégration. Les vecteurs peuvent être également synthétiques, c'est-à-dire mimer des séquences virales, ou bien être constitués par de l'ADN ou de l'ARN nu selon la technique développée notamment par la société VICAL.

Dans la plupart des cas, il faudra prévoir des éléments de ciblage assurant une expression spécifique des tissus ou organes, en effet, il n'est pas possible d'envisager d'activer un phénomène d'apoptose incontrôlé.

La présente invention concerne donc l'ensemble des vecteurs décrits précédemment.

La présente invention concerne également les cellules transformées par un vecteur d'expression tel que décrit précédemment ainsi que la protéine pouvant être obtenue par culture de cellules transformées.

Les systèmes d'expression pour produire des protéines peuvent être aussi bien des systèmes eucaryotes tels que les vecteurs précédents que des systèmes procaryotes dans des cellules de bactéries.

L'un des intérêts de la présente invention est qu'elle a mis en évidence l'implication de plusieurs gènes dans l'apoptose ; ainsi la surexpression de l'un des gènes par thérapie génique peut, pour certains d'entre eux, ne conduire à l'apoptose que les cellules dans lesquelles s'expriment déjà d'autres gènes déréglés, c'est-à-dire des cellules malignes.

La présente invention concerne également, à titre de médicament, un composé assurant l'expression cellulaire d'au moins une des séquences

nucléotidiques précédentes lorsqu'elle est induite lors de l'apoptose cellulaire, notamment des gènes TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain, ou au contraire assurant l'inhibition de l'expression cellulaire d'au moins une séquence cellulaire telle que décrite précédemment lorsqu'elle est inhibée
5 lors de l'apoptose cellulaire, notamment TSIP 1 et TSIP 2.

Il est, par exemple, possible de prévoir d'autres approches que la thérapie génique, notamment l'utilisation de séquences nucléotidiques en stratégie sens ou antisens, c'est-à-dire pouvant bloquer l'expression de TSIP ou au contraire, agissant en amont, favorisant l'expression de TSAP.

10 On peut également prévoir une stratégie de remplacement directe par apport de protéines correspondant à TSAP ou d'anticorps inhibiteurs correspondant à TSIP.

Enfin, il est possible de prévoir l'utilisation de molécules non protéiques dont l'activité sera d'activer TSAP ou de mimer l'action de son produit d'expression ou bien d'inhiber TSIP ou bien de bloquer l'action de son produit d'expression.
15

Ces produits peuvent être aisément testés sur les cellules modifiées qui sont décrites dans les exemples en introduisant les produits à tester dans la culture cellulaire et en détectant l'apparition du phénomène apoptotique.
20 Dans les stratégies à ADN, ARN ou protéique les produits sont bien entendu élaborés en fonction des séquences qui sont décrites.

La présente invention concerne en particulier l'utilisation des médicaments précédents en tant qu'agent anti-cancéreux.

Mais, le produit du gène TSAP 3 humain (HUNSI111) est également
25 utile comme agent antiviral, comme cela apparaîtra à la lecture de l'exemple 2. La présente invention concerne donc également l'utilisation des médicaments précédents comme agent antiviral.

La présente invention concerne également à titre d'agent de diagnostic pour la détermination de la prédisposition au cancer, tout ou partie
30 des séquences selon l'invention à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification, mais également à titre d'agent de diagnostic pour la détermination de la prédisposition au cancer un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'invention ou les anticorps, notamment les anticorps monoclonaux,
35 correspondants, éventuellement après culture.

Les méthodes de diagnostic sont connues, il peut s'agir, par exemple, de techniques de microséquençage des parties variables après

isolement et amplification éventuelle ou des méthodes de détection type RFLP ou d'amplification simple notamment. Les techniques différentielles peuvent, en particulier, permettre de mettre en évidence l'écart entre le TSAP ou TSIP normal et anormal.

5 L'invention concerne également des modèles mettant en oeuvre les séquences précédentes.

Le gène TSAP 3 humain (HUMSIAH) peut être isolé, notamment, en utilisant la méthode PCR ou d'autres méthodes d'amplification en mettant à profit la structure du gène. Il est également possible de synthétiser ce gène
10 par morceau, si nécessaire.

Enfin, l'invention concerne un perfectionnement à la méthode de Liang et Pardee (1) caractérisé en ce que dans l'amplification par PCR on effectue une diminution en palier ("touch down") tel que décrit dans Don et al. (2).

15 D'autres caractéristiques de l'invention apparaîtront à la lecture des exemples ci-après faite notamment en se référant aux figures suivantes :

- Figure 1 - Quantification de l'expression différentielle des ARNm utilisant l'imageur 1200 β. Hybridation aux ARNm dérivés des cellules LTR6 à 37°C et des cellules LTR6 après 4 heures à 32°C. Les nombres en ordonnées de 0 à
20 500 correspondent au comptage détecté par 0,15 mm et sont proportionnels au signal d'hybridation.

C1 : ARNm exprimé également en utilisant un clone sans expression différentielle ;

25 C2 : contrôle positif utilisant la Cycline G et montrant l'induction des ARNm correspondant à 32°C ;

MER-LTR : montre l'induction de cette séquence à 32°C ;

TSAP 1 à TSAP 8 : expression différentielle des 8 ARNm activés dans les 4 premières heures suivant l'induction de l'apoptose ;

30 TSIP 1 et TSIP 2 : expression différentielle des 2 ARNm inhibés dans les 4 premières heures suivant l'induction de l'apoptose.

- Figure 2 - Analyse Northern blot.

A : hybridation avec la sonde TSAP 3 ;

B : hybridation avec la sonde siah 1b de souris ;

35 lignes 1 et 2 : ARNm polyA⁺ de cellules leucémiques myéloïdes M1 (clone S6) cultivées à 37°C et 32°C respectivement ;

lignes 3 et 4 : ARNm polyA⁺ de cellules LTR6 cultivées à 37°C et 32°C respectivement ;

la flèche indique l'expression différentielle du transcrit 1,9 kb de TSAP 3 -
siah 1b de souris ;

panneaux inférieurs : GAPDH ;

C : distribution tissulaire utilisant TSAP 3 comme sonde ;

5 1 : coeur, 2 : cerveau, 3 : rate, 4 : poumon, 5 : foie, 6 : muscle du squelette, 7 :
rein, 8 : testicule ;

les flèches indiquent les transcrits de 1,9 et 2,4 kb ;

panneau inférieur : β -actine.

- Figure 3 - Analyse de l'hybridation in situ avec la sonde TSAP 3 ;

10 A : cellules M1 incubées pendant 4 heures à 32°C et hybridées avec une
sonde antisens TSAP 3 ;

B : cellules LTR6 incubées pendant 4 heures à 32°C et hybridées avec une
sonde sens TSAP 3 ;

15 C : cellules LTR6 incubées à 37°C et hybridées avec une sonde antisens
TSAP 3 ;

D à F : cellules LTR6 cultivées à 32°C pendant respectivement 1, 2 et
4 heures et hybridées à une sonde antisens TSAP 3 ;

la barre dans le panneau A : 10 μ m ;

les flèches indiquent l'accumulation des ARNm TSAP 3 dans le cytoplasme.

20 - Figure 4 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 1 et la séquence
nucléotidique correspondant à la phospholipase C bêta 4 de rat.

- Figure 5 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 2 et la séquence
nucléotidique correspondant à la protéine digitée au zinc (ZFM 1) localisée
dans le locus Multiple Endocrine Neoplasia (MEN 1).

25 - Figure 6 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 3 et la séquence
nucléotidique correspondant au gène Drosophila seven in absentia (sina).

- Figure 7 - Comparaison entre le produit des gènes sina de différentes
espèces, humain (HUMSIAH), murin (MMSIAH 1B) et de drosophile
(DROSINA).

30 - Figure 8 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSIP 2 et la séquence
d'ADNc du transcript S182 murin du gène AD3 impliqué dans la maladie
d'Alzheimer.

MATERIELS ET METHODES

Cultures cellulaires

35 Cellules de leucémie myéloïde M1 (clone S6) et cellules M1
transfectées de façon stable avec un mutant sensible à la température val 135
p53 (LTR6) (3).

Ces cellules sont cultivées sur milieu RPMI 1640 avec 10 % FCS à 5 % de CO₂ à 37°C. Pour la modification de la température, les cultures sont placées dans un second incubateur à 32°C. Pour tous les essais effectués dans cette étude, les cellules sont testées après 12 et 24 heures pour la présence d'apoptose.

Etude des ADNc différentiels

Pour effectuer les tests dans des conditions expérimentales standards et pour obtenir une reproductivité totale des résultats, les modifications suivantes au protocole d'origine (1) ont été effectuées.

On utilise toujours des ARNm polyA⁺ purifiés deux fois sur colonne d'oligo dT utilisant Fast Track (Invitrogen, San Diego CA). Après transcription réverse (M-MLV Reverse Transcriptase, Gibco BRL) sur 0,05 µg de polyA⁺ utilisant 20 µM de chacun des dNTP (Boehringer-Mannheim), aucun dNTP additionné n'est ajouté au mélange de PCR final. Un "hot start" à 94°C pendant 5 minutes est effectué avant la PCR (GeneAmp PCR system 9600 Perkin Elmer Cetus). Les échantillons sont refroidis rapidement sur de l'eau glacée. Un "touch down" (2) de 10 cycles de 50°C à 40°C est effectué (94°C 30 secondes - 50°C 1 minute - 72°C 30 secondes), suivi par 35 cycles (94°C 30 secondes - 40°C 1 minute - 72°C 30 secondes) et une extension finale de 5 minutes à 72°C. Les produits de la PCR sont séparés sur gels de polyacrylamide à 6 % non dénaturant (4). Les gels sont exposés sans séchage. Chaque présentation différentielle est effectuée en comparant M1S6 et LTR6 à 37°C et après 4 heures d'incubation des deux lignées cellulaires à 32°C.

La procédure de présentation différentielle est répétée dans 3 expériences différentes pour confirmer une parfaite reproductibilité.

Les bandes exprimées différentiellement sont découpées à partir du gel, éluées et réamplifiées (1). Les produits de PCR sont sous-clonés en utilisant le système TA-cloning (Invitrogen, San Diego CA) en suivant les indications fournies.

Pour chaque réaction de ligation, 10 clones recombinants sont séquencés en utilisant le système automatique ABI.

Extraction des ARN, analyses et sondes Northern blots

L'ARN total est extrait avec du Trizol (Life Technologies). Les ARN polyA⁺ sont préparés en utilisant le kit OligotexdT (Qiagen, CA). 30 µg de l'ARN total ou 2 µg d'ARN polyA⁺ sont séparés sur agarose 1 %/1 x MOPS / 2 % gel de formaldéhyde, transférés sur membrane de nylon (Hybond N+, Appligène, France) comme cela a été décrit précédemment (5). Les Northern blots sont

hybridés avec des sondes marqués au P³² sur les inserts TSAP et TSIP et lavés comme décrit précédemment (5). Pour vérifier l'induction de la fonction du p53 sauvage, les Northern blots sont hybridés avec une sonde cycline G (6). A titre de contrôle pour la quantité d'ARNm chargée, les blots sont hybridés avec une sonde GAPDH. Différents Northern blots (Clontech CA) sont utilisés dans des conditions identiques et hybridés pour le contrôle avec une sonde β -actine. Les produits de RT-PCR pour LTR6 sont amplifiés en utilisant les amorces siah 1b suivantes : 5'CAGTAAACCACTGAAAAACC3' et 5'CAAACCAAACCAAAACCAC3'. Le produit de PCR sous-cloné est utilisé comme sonde contrôle de siah 1b. Les Northern blots sont exposés pendant 10 jours à - 80°C.

Slot blots

La reproductibilité des résultats obtenus par les analyses Northern blot. Les blots sont préparés (Bio-Rad, Hercules CA) en plaçant les produits de PCR (200 ng de Zeta-Probe Blotting Membranes, Bio-Rad, suivant les instructions du fabricant) de clones TSAP et hybridés avec une sonde ADNc marquée au P³² (Superscript II Gibco-BRL, Life Technologies) correspondant à l'ARN des cellules LTR6 incubées à 37°C et ensuite 4 heures à 32°C. Le produit de PCR du clone contenant la cycline G est également déposé sur les membranes et utilisé comme contrôle positif. Les Slot blots sont exposés une nuit à - 80°C.

Analyse quantitative des images

Celle-ci est effectuée en utilisant un imageur 1200 β (Biospace Instruments, Paris, France) sur les deux Northern blots (pour TSIP 1 et TSIP 2) et sur les Slot blots pour tous les contrôles ADNsc et TSAP 1 à 8. Pour l'analyse quantitative représentée dans les graphiques de la figure 1 on soustrait un nombre constant de chaque pic. Cette constante est calculée en mesurant la valeur moyenne du bruit de fond dans les slots qui ne contiennent pas d'ADNc. Les résultats du β imageur ont été obtenus en comptant les slot blots une nuit et en les confirmant par autoradiographie avec des temps variables d'exposition. Ces autoradiogrammes montrent les mêmes variations qualitatives relatives entre les activités à 32°C et à 37°C que les mesures effectuées avec le β imageur.

Hybridation in situ (7, 8)

Les cellules sont lavées 3 fois dans un tampon phosphate salin (PBS) "cytospinned" et fixées par du paraformaldéhyde à 4 % dans PBS pendant 10 minutes puis conservées dans l'éthanol à 70 %. Des transcrits

d'ARN marqués à la digoxigénine-11-urédine-5'-triphosphate (DIG) et à la biotine-11-UTP de TSAP 3 sont utilisés dans les analyses suivant la procédure décrite précédemment (Boehringer-Mannheim). Pour la détection des souches marquées à la digoxigénine hybridée les tranches sont incubées dans SAD-10 (10 nm d'anticorps anti-DIG de mouton marqués à l'or à 1/1000 de dilution, Biocell UK). L'analyse est effectuée en utilisant de la microscopie à laser confocal.

EXEMPLE 1

L'étude différentielle des ADNc par la méthode de Liang et Pardee permet de disposer d'un outil très puissant et efficace pour détecter les variations dans l'expression des gènes. Néanmoins, il a fallu modifier le protocole original comme cela a été indiqué précédemment afin d'écartier certains problèmes de reproductibilité observés lorsque l'on applique la méthode telle qu'elle est décrite à l'origine.

On a pu mettre en évidence une reproductibilité totale lorsque dans la méthode PCR on introduit un "hot start" suivi par un "touch down".

Les bandes exprimées différentiellement après isolement et réamplification sont néanmoins souvent contaminées par des bandes provenant des ARN qui migrent dans les régions voisines de l'ADNc, si l'on utilise directement ces sondes sur des Northern blots ceci conduit à des erreurs. On a donc sous-cloné les produits de seconde PCR et fait effectuer les analyses des Northern blots utilisés à défaut de recombinant à sonde simple. Le séquençage systématique d'au moins 10 sous-clones recombinants pour chaque bande sélectionnée a montré qu'il était très efficace pour sélectionner les clones d'intérêt.

Le gène p53 est, dans l'état actuel de nos connaissances, le suppresseur tumoral qui est muté dans le plus grand nombre de cancers d'origines très diverses, et l'utilisation du mutant sensible à la température val-135 p53 s'est déjà montrée précédemment fournir des informations très importantes concernant le fonctionnement du p53 sauvage en induisant, soit l'arrêt de la croissance cellulaire en phase G-1, soit l'initiation du programme de mort cellulaire.

Jusqu'à maintenant, les voies moléculaires en amont et en aval de p53 et qui conduisent à la suppression tumorale étaient encore peu claires.

Jusqu'à maintenant un certain nombre de gènes en aval de p53 ont été identifiés, il s'agit notamment de gadd 45, mdm 2, mck, "Mouse endogenous retrovirus" LTR, p21-waf et Cycline G.

La présente invention a permis de mettre en évidence l'existence de 11 gènes qui sont exprimés différenciellement dans les cellules exprimant le p53 sous sa forme suppresseur actif ou bien dans des cellules tumorales exprimant le gène p53 non actif.

5 La figure 1 montre la quantification des signaux d'hybridation correspondant à l'expression différentielle de 8 de ces gènes qui sont activés à 32°C, c'est-à-dire dans lesquels la fonction de p53 sauvage est activée et conduit donc à l'apoptose des cellules, ces gènes qui sont activés seront
10 dénommés ci-après TSAP (pour Tumor Suppressor Activated Pathway), par contre on constate que dans deux expériences 2 gènes exprimés à 37°C sont en partie inhibés à 32°C, ce qui impliquerait qu'ils sont inhibés durant la mort cellulaire programmée, ces gènes ont été dénommés TSIP (pour Tumor Suppressor Inhibited Pathway).

L'analyse des homologues des différentes séquences activées de
15 TSAP 1 à TSAP 3 a montré qu'il s'agissait là de gènes déjà connus. Par contre, les autres ADNc TSAP 4 à TSAP 8 ne montrent aucune homologie significative avec des gènes connus.

Pour l'ADNc TSIP 1 qui est inhibé dans son expression pendant l'apoptose, il ne montre aucune homologie avec des gènes connus.

20 Pour l'ADNc TSIP 2 qui est également inhibé dans son expression pendant l'apoptose, il montre une grande homologie avec le transcript S182 du gène AD3 impliqué dans les voies métaboliques de la maladie d'Alzheimer (Sherrington et al.) (figure 8).

Par conséquent, il est possible d'agir sur les voies métaboliques
25 de la maladie d'Alzheimer en agissant sur les voies métaboliques p53 dépendantes.

La présente invention a donc également pour objet, à titre de médicament, un composé assurant l'expression cellulaire de TSIP 2 destiné au
30 traitement de la maladie d'Alzheimer ainsi qu'à titre d'agent de diagnostic pour la détermination de la prédisposition à la maladie d'Alzheimer, tout ou partie de la séquence de TSIP 2 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification ainsi qu'un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par TSIP 2 ou les anticorps, notamment les anticorps monoclonaux correspondants, éventuellement après culture.

35 L'hypothèse que l'on peut faire sur ces gènes inhibés dans leur expression par le p53 sauvage est qu'ils peuvent coder pour des séquences oncogéniques qui seraient régulées en aval du processus de suppression

tumorale ou encore qu'il s'agit de protéines de structure ou du cytosquelette pour lesquelles la régulation en aval de l'expression est concomitante de la mort cellulaire par apoptose.

TSAP 1 est homologue à la phospholipase C bêta 4 de rat. La
5 séquence de TSAP 1 présente 100 % d'identité avec la PLC entre les
nucléotides 3967 et 3985 ; 82 % entre les nucléotides 3986 et 4116 et 85 % entre
les nucléotides 4070 et 4220 (figure 4). La PLC est connue pour être impliquée
dans la voie de signalisation des récepteurs de la tyrosine-kinase, et
pour catalyser l'hydrolyse du phosphatidylinositol-4,5-biphosphate en
10 diacylglycérol et inositol-1,4,5-triphosphate. Toutefois, la présente étude
suggère que la PLC est une cible en aval dans l'apoptose à médiation p53.

TSAP 2 montre des séquences conservées (92 % d'identité entre les
nucléotides 259 et 299 ; 100 % d'identité entre les nucléotides 418 et 458 et 92 %
d'identité entre les nucléotides 645 et 685) avec la protéine digitée au zinc
15 (ZFM 1) qui est localisée dans le locus Multiple Endocrine Neoplasia (MEN 1)
(figure 5). MEN 1 est un désordre dominant autosomal associé avec le
développement de tumeurs affectant le lobe antérieur des glandes pituitaires
et parathyroïdes et les cellules des ilots pancréatiques. Il est particulièrement
intéressant d'avoir mis en évidence qu'à la fois ZFM et une isoenzyme de PLC
20 sont colocalisés dans la même région chromosomique 11q13 contenant le
gène de susceptibilité à MEN 1. Chez la souris, les régions homologues sont
localisées sur le chromosome 19B. Le fait de trouver que TSAP 1 et TSAP 2 sont
activés en réponse à p53 peut suggérer que ces gènes appartiennent à une
voie de suppression des tumeurs plus globale et que p53 peut coopérer avec
25 MEN 1.

TSAP 3 est identique à Siah 1b. Ce gène est l'homologue chez les
vertébrés du gène *Drosophila* seven in absentia (sina). Le clone décrit
présente 94 % d'identité avec l'homologue murin (nucléotides 1496 à 1634)
(figure 6). Par analyse Northern blot en utilisant une sonde TSAP 3, on a pu
30 détecter une expression différentielle d'un messenger de 1,9 kb de ce gène
(figure 2A). Ceci est confirmé en utilisant une seconde sonde correspondant à
la même région de la séquence siah 1b décrite (figure 2B). La figure 2C
montre la distribution tissulaire de ce gène en utilisant une sonde TSAP 3 qui
détecte à la fois l'ARNm de 1,9 et de 2,4 kb correspondant aux résultats
35 mentionnés précédemment lorsqu'une sonde siah est utilisée. L'hybridation
in situ montre que l'ARNm de TSAP 3 est induit rapidement 1 heure après
l'induction de l'apoptose (figure 3D). Son expression augmente après 2 et

4 heures (figures 3E et 3F). Dans les cellules qui sont entrées en mitose aucun signal n'est détecté.

Carthew et Rubin ont montré que *seven in absentia* est nécessaire pour le développement de l'oeil de la drosophile. D'autre part, des mutants de ce gène dans la drosophile montrent un rôle beaucoup plus général dans le développement. L'homologue murin est subdivisé en deux groupes *siah 1* et *siah 2* et ces protéines montrent un degré de conservation tout à fait inhabituel par rapport à *drosophila seven in absentia*.

Nos résultats ont montré que TSAP 3 / *siah 1b* est activé dans le programme de mort cellulaire dans les cellules M1 induites par le gène suppresseur de tumeur p53. Comme ce gène code pour une protéine digitée au zinc nucléaire, il pourrait être un facteur de transcription régulateur qui est en aval du signal de p53. Les résultats montrent également un lien direct entre les gènes concernant le développement chez la drosophile et une voie majeure de suppression tumorale.

EXEMPLE 2

En utilisant le fragment d'ADNc murin (TSAP 3), décrit ci-dessus, obtenu par analyse différentielle d'ARNm, on a constitué une sonde pour isoler un fragment de 1,1 kb d'une librairie d'ADNc humain qui ensuite a été expansé jusqu'à la région codante entière par une RACE-PCR.

La figure 7 montre l'ADNc et la séquence d'acides aminés du gène humain *sina* (TSAP 3).

Cette séquence code une protéine de 282 amino-acides avec un motif digité au zinc C3HC4. Cette protéine présente également des analogies avec des protéines capables de se fixer sur l'ARN. La séquence en amino-acides est très conservée entre la Drosophile, la souris et le gène humain (figure 7).

La distribution tissulaire indique que le *sina* humain est exprimé de façon ubiquitaire et code pour un ARNm de 2,3 kb et, dans le placenta, il existe un transcrit additionnel de 2,5 kb.

En analysant des YAC du CEPH et des librairies BAC par PCR, en utilisant des amorces *sina* humains spécifiques, on a pu isoler 8 YAC (350-1000 kb) et 2 BAC (100 et 125 kb).

La fluorescence par hybridation in situ (FISH) utilisant les clones YAC et BAC montre que le *seven in absentia* est localisé sur le chromosome 16q12-13, c'est-à-dire dans une région contenant les gènes suppresseurs de tumeurs candidat dans différents cancers, notamment : cancer du sein (9),

tumeur de Wilm's (10-12), syndrome de Laurence-Moon-Bard et-Biedl (13), syndrome de Beckwith-Wiederman (14).

Comme cela a été indiqué dans la demande de brevet français N° 95 15 146, on a trouvé que des transfectances stables de cellules M1 murines avec le mutant p53 sensible à la température montraient l'activation de seven in absentia après induction de l'apoptose à 32°C. Etant donné que le TSAP 3 murin a été isolé dans un modèle d'apoptose induit par le gène p53, il était logique d'approfondir l'analyse du gène TSAP3 (HUMSIAH) dans un modèle d'apoptose physiologique humain.

Ce modèle est décrit dans l'intestin où les cellules migrent du fond de la crypte vers la région apicale des vilosités où elles meurent par apoptose avant d'être larguées dans le lumen. Ces cellules en apoptose sont spécifiquement marquées par la technique TUNEL.

D'autre part, ces mêmes cellules sont positives par hybridation in situ pour le gène TSAP 3 (HUMSIAH) dans l'apoptose physiologique chez l'humain.

Enfin, afin d'investiguer l'implication du gène TSAP 3 humain dans la suppression des tumeurs, on a utilisé un modèle basé sur l'ensemble des gènes plutôt que sur un seul gène. Ce modèle repose sur les propriétés biologiques du parvovirus H-1.

Des recherches très complètes dans ce domaine ont montré sur les 20 dernières années que le parvovirus tue préférentiellement les cellules tumorales alors qu'il épargne leur contrepartie normale.

De façon à élaborer un modèle, on a fait l'hypothèse suivante : s'il était possible de sélectionner, à partir d'une tumeur qui soit sensible à l'effet cytopathique du parvovirus H-1, les cellules qui étaient résistantes, cette résistance pourrait être due à un changement de leur phénotype malin. Ceci a pu être démontré pour les cellules KS sélectionnées à partir des cellules érythro-leucémiques K562 humaines. Tandis que les cellules parentales K562 sont sensibles à l'effet cytopathique du parvovirus H-1, les cellules KS, elles, sont résistantes. Ces cellules résistantes réexpriment le type sauvage de p53 et ont un phénotype supprimé à la fois in vitro et in vivo.

Pour confirmer ces observations sur d'autres cellules, on a sélectionné, à partir d'un monoclonal d'une leucémie monocyttaire U937 humaine, les cellules filles US3 et US4. Ces clones sont résistants à l'effet cytopathique des parvovirus H-1 et montrent une réversion du phénotype malin in vivo. L'analyse de marqueurs de surface pour 20 cellules, indique

qu'il n'y a pas de déplacement dans le stade de différenciation entre U937 et les clones US indiquant que la suppression du phénotype malin n'est pas due à une différenciation terminale.

5 Ni les cellules K562 ni les cellules U937 n'expriment p53. Par contraste aux cellules KS qui réexpriment p53, les cellules US3 et US4 ne réexpriment p53. Toutefois, on a pu mettre en évidence le fait que les cellules US3 et US4 montraient l'activation de WAF-1 par rapport aux cellules parentales malignes U937. Une telle activation de WAF-1 dans une voie indépendante de p53 alternative a été récemment décrite et les résultats
10 actuels montrent que les clones US3 et US4 utilisent, semble-t-il, cette voie alternative WAF-1.

Le gène sina est activé par le type sauvage p53 inductible dans les cellules M1 de même que dans les cellules KS qui réexpriment le type sauvage p53.

15 Tandis que les cellules parentales U937 expriment très légèrement l'ARNm de sina, il est activé dans les clones filles US3 et US4 qui ont une réversion de leur phénotype malin et qui réexpriment p21^{waf-1}.

De façon intéressante, sina est activé dans les cellules qui deviennent apoptotiques, comme cela est montré par un double marquage
20 utilisant une sonde sina pour hybridation in situ combinée avec un essai TUNEL

Ceci permet de démontrer que le gène sina humain qui est très conservé dans la phylogénie joue un rôle dans l'apoptose et la suppression tumorale.

25 De façon encore plus importante, sina se situe au croisement des voies de p53 et de WAF-1.

En outre, en utilisant le modèle de U937 et US3 et US4, on a pu montrer un lien fonctionnel pour les molécules suppresseurs en utilisant un modèle biologique global qui permet la comparaison à des niveaux
30 moléculaires entre les cellules malignes parentales et les cellules filles directement dérivées. Ces expériences indiquent qu'il n'est pas nécessaire de transférer les gènes suppresseurs de tumeur humains spécifiques de façon à leur conférer le phénotype suppresseur, mais que la réversion tumorale est sous le contrôle d'un système de régulation qui est toujours présent dans le
35 matériel génétique des cellules tumorales bien qu'il soit nécessaire de le réactiver.

TABLEAUCARACTERISTIQUES DES CLONES

5		<u>Clone à expression différentielle</u>	<u>Amorces 3' et 5' *</u>	<u>Taille de l'ARNm en kb</u>	<u>Homologie</u>
		TSAP 1	T11GC-16	2,0 et 4,5	PLC #
		TSAP 2	T11GC-5	5,9	MEN1 §
10		TSAP 3 (IDS N° 3)	T11CG-4	1,9	siah 1b ¶
		TSAP 4	T11GC-6	5,0	Non
		TSAP 5	T11CG-5	1,2	Non
		TSAP 6	T11AG-1	2,8	Non
		TSAP 7	T11GC-16	> 8,0	Non
15		TSAP 8	T11GC-6	> 10,0	Non
		TSIP 1	T11CG-8	3,0	Non
		TSIP 2	T11AA-5	3,1	AD3 ※

20 * Les chiffres et les séquences des amorces en 5' correspondent à ceux rapportés par Bauer et al. (4)

Rat phospholipase C-béta 4 ARNm (RATPHOSCB)

§ ARNm humains (HUMMEN1C; HUMZFM1C; HUMZFM1A; HUMMEN1A)

¶ siah-1B ARNm (MMSIAH1B)

25 ※ AD3, transcript S182 ARNm murin (homologue S182 ARNm humain) (Sherrington et al.).

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 1

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(8) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 1

10 (B) EMPLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 1 :

TSAP1

10 . TGATCACGTAC
15 : : : : :

ratPLC	CTTCTTCTACTTAACAATTTGACTATTGAATTTCTTTGGCCAACCAAAGTAGCTATGTAC					
	3970	3980	3990	4000	4010	4020

```

20          20          30          40          50          60          70
TSAP1      ACACACACACACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCGGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAT
           :::::::::::: : : : : : : :                               : : : : : : : : : :

```

25 ratPLC ACACACACACACACACACACACACACA-----CACACACACACACAGAAAT
4030 4040 4050 4060

```

      80          90          100          110          120          130
TSAP1  CCCCTATTCCTGACAGGCAGAGTTGAATCATGATATATGGCTTAAACATGTTTGCTATGA
30      :::::::::::::::::::::::::::::: :::: :  :::::::::::::: :::::

```

ratPLC CCCCTATTCCTGACAGGCAGAGTTGAACCATAATCCACAACCTTAAACATGTTGCCTAGGG

4070 4080 4090 4100 4110 4120

35

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(B) TYPE: nucléotide

20 (D) CONFIGURATION : linéaire

(ix) CARACTERISTIQUE:

(B) EMPLACEMENT:

25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 2 :

10 20 30 40 50 60

```

30      TSA#2      GCTTGGAACCAATCTACAACAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACTCGAGAGTTCCGTACCC
                ::  ::  :::::::::: :::::::::::::::::::::::::::::::::: :::::::::::::: ::::
humzfm1c.seq CCCCTGAGCCCATCTACAATAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACCCGAGAGTTCCGCACCC
                250          260          270          280          290          300

```

70 80 90 100 110 120

TSAP2 GCAAAAAAAAAAATCTCTTGTGTTTTCTTAAGCTTTCCCTGTGCTAGGGAAAGATCAGT

.....

5 humzfmlc.seq GCAAAAAGCTGGAAGAGGAGCGGCACAACCTCATCACAGAGATGGTTGCACTCAATCCGG

310 320 330 340 350 360

130 140

10 TSAP2 AAGTCCCTGGTTATAGATTGGTT

humzfmlc.seq ATTTCAAGCCACCTGCAGATTACAACCTCCAGCAACACGTGTGAGTGAT

370 380 390 400 410

15 INFORMATION POUR LA SEQ ID N° : 3

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

20 (D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 3

(B) EMBLACEMENT:

25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 3 :

TSAP3

10

30 TSAP3 3 TTTTTTTTTTTG

.....

mnsiah1b.seq TTGTAAAATATTTCTGAACTTTGTATTTGTTGTAGATTGATTGTATTGTTGACAATTTT

1450 1460 1470 1480 1490 1500

35


```

      20          30          40          50          60          70
TSAP   3       CGGGGTGGGGGTGTCCTGCACACATGCCGTGCACGTGTGCGCTTGCTTTTCCTTTAACA
           ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
5 mmsiah1b.seq CGGGGTGGGGGTGTCCTGCACACATGCCGTGCACGTGTGCGCTTGCTTTTCCTTTAACA
           1510         1520         1530         1540         1550         1560

           80          90          100         110          120          130
10 TSAP   3       GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTCAGTCAACACATAGTGCCTGCTGT
           ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
mmsiah1b.seq GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTCAGTCAACACATAGTGCCTGCTGT
           1570         1580         1590         1600         1610         1620

15
           140

TSAP3        GGT TTGGCTTTGCT
           :::: : :::::

20 mmsiah1b.seq GSTTTTGCTTTGCTTTGCTTTGCTTTTGCTTTTGCTGCTGCTGCTATTGATAAATTTTATTCTA
           1630         1640         1650         1660         1670         1680

```

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 4

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 4

10 (B) EMPLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 4 :

TSAP4

15 AACTCCGTCG TGGGTGTGGG GACCTAATTC CTTATATTTT TACAACAAGC ACTGTACAAA 60
CTGTGCCTTT CCCTAATGCA GTTATACTAT TTCCATTAAG ATGGGTAACC TTAGTTAAGG 120
CTTTATATTC ACTGCCATGG GTAGGAATGC TCACGGTGAA TGGGCCAACT TGTGATGGAA 180
GAAGCCCTCA TTTTCAGTTG GC 202

20 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 5

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

25 (D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 5

(B) EMPLACEMENT:

30 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 5 :

TSAP5

	TAACAAGGAT ATTCAGGTTC GGGATTGGTT TCCTAAGCGA TGATCTCAAC CTCACGCTGC	60
5	AACTGATTTC CCAAGGGACA GAAATGGTCT TTGATCTTTC TGAACCACTT GTCTTCAAAC	120
	TCTTTGGAGG ACGCAACCAC CATGGCAGTC AGGGCTCCGG GGCCACACACA CTTACCTCC	180
	GAATGAAGCT CCTCTTTTAT CTTTCTGGG ACAATGTCTT CCCCCATAGC CTCCTCCATC	240
	AACAGCAAAG TACCTTCCCT AAAGTTGAAG TCCTTCACTT TCCCTGCAAT TTCCTGCTGA	300
10	GTCCTCAAGT TCTTCTCCAA CGCGAATGAT GTTTGCTGAG ACTGGGCGAG CTGAASCAGG	360
	AGCCTGGCGC GGAGCAAAA GCGCATGCT TTCCTCCGAG CCTCCATCTG TGCCTCTTCC	420
	CTCCGCCTTG CCAGGGAAGG CATATTCTC CTGAGCACTA CCACTCGCTT CCACGGAGAG	480
	CAGTGCATTTC TCAGGCAAGG TCGTGGGCAA AGACAAAAGA GAGCCTGTTC CCGAGTGATC	540
15	AGAGGAGGGA CCGACGGCCT TGTCACCTGA GGCAGAACTC TTCTGTCCCT GCGGTGACAC	600
	CCTGCTGGCA GGCCGGGCCC TGGACTCAGG TATGCCCTCTG CCAGCTTACA CCAGCTCCAC	660
	GGGTTGAGCG GGTGCAAAGC AATCAGCTTG TGCAGGCAGA AGATCGTGTC CTCGCGCTC	720
	TGCAGGCTGG AAAAGACGGC CAGGTGGAGG TGGAGCACA CGGTCAGATG GTCTGTCTTG	780
20	GTGGCTTTGC TTTCCAAGTC TGCCGCCATC TCCAGCGCCT CCTCATGCCCT CCCAAGTGAG	840
	CCAGACACCG AGCCTGGCCT TCTTGGACAT CCCTTTTCTAT GGCAAAATTA GTAGATGCTA	900
	ATGTTCCGAG ATATGSAGTA TTCCTGCAGG GCTTCTCTCT ATTCCTGTCC TCTGTAGGCC	960
	AGGTCCCCCTC TGAATTTCTT GAGAGTGAGA ACTTCAATAT CGTCACTACA TTCTGTCTCT	1020
25	TCATAAAACC ATGCGGCTCG CAGAGCTTGG CGCGGTAGGG GGAGGGCGGC TCGGGCCGGC	1080
	GCTCCGGCCT CTGCTCGAAC ACCGAGTCCT CAAATTCGCC GCCCAGCACC CAGCATCCGG	1140
	TCTCCATCGC GCGGAAGTGC AACTGGACCT CGAAACGAGG CGACACCTAG ASCGACGCCC	1200
30	ATCACCACAGC CTCCAAAGCG CCGACAGCA GCCGCGCCAA GGCTGCCGAG GCAAGGTAGA	1260
	GACCTGCCCC GGCGGCCGCT CGAGCCCTAT AGTGAGTCTT ATTAGGATCG	1310

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 6

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 6

10 (B) EMPLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 6 :

TSAP6

15	GTGAGTACAT ATCACATGTA TGGGGTGTCA TTCTGAGTAT GTCAGTTTAC ACCTGCATCC	50
	CAGGAATTAG GATCTCAGCC ACCCAGGCAT ATATCATCAC CTCGCTGTGC AGCATCCAGA	120
	AAAGAGACCC GAACCCAGCT CAGCGCCCCC ACAAGCCATC TCCACTTCCA GGGCCTCACA	130
	CGTGGCTTGT TTTCTCCCCC TGTGTGTGGT CGCCGGACAG CATGAAGTTG ACAGCCCCAT	240
20	CTTTCTCCCA GGGCCTGCGG ATCTGGTGA GTCTGCGGTT TGAGGCAGGC CAGGAGGAAC	300
	AGGGCCTTGG CCAGGATGAT TCACACAGGG GCAGGGAGCA GCGTGAATGT GGAATGTGGG	360
	GCGGGCAGGT AGAAGTTGAT AGTGCTTTTT CCTNCAAAAG GCAGCGGTCC AGCCGTAGCT	420
	GAGTGTGTGC ATTGTGCTGA GTATCAGGGC CACGAAGCCC AGTGTGGACT GCACGAAGCT	480
25	GAACTCCTTC CAGTTGAGGC AATTAGCAAT GGACGGGAGC GAGGTGACAG CCAGCAGCGA	540
	CAACATGCCC AGGGCCAGCA CACCCAGGGA CAGGTATATC TCCATCCTCC AGACTTCTTC	600
	CTCAGCCCAG AGGCGGCTCT TGTTCGCCAG GACCTGCTTC ACAGCCAGAT TGACCAGGTC	660
	GTAGGCGGTG GGAGCGGCGC AGCGGCAGGC AGAAGCTGTA GAGAGCGTGC AGCATCGCGA	720
30	AGAAGAAGCT GAGCAGCCCC ATCTGCTTGC GATGCTGCAG CCAGTGGTCC AGCCAGTCTC	780
	GGAAGCGCTG GTACTTGGTC CCCCTCCGCA GCTGAAGCGC AGCTGCCAGC ACACCGGGCA	840
	GGTACACTAG GGACAGCAGC ACATAAGCCA CACAGGGTAG TGTGGTGTTC ACCACAGACA	900
	AGGGCATCTT GTAAAGCTTG TTCTCATCTT TCCGAATGTN TGGCTGTANA ACCTCCCGGA	960
35	TGAAATTGTA GGTGTANAAN CACACAAAGA CCCCAGTGCC CAGGAAGGTC GGGCCCTTCC	1020

AGAATGGAAG GAAGCNCAGG GCTTTNGCTT CTACCTCCCT CACTGAAGGC CANGGATCCA 1080
TNTCCAGGGG TTNAACCAT NGGGCGTGCA TCTCTGAAA TGGTCNCTTG GNTTCTGCTH 1140
GATCANTGCA AATAACNCCT GCCTGTTCN TCCCTTGGGG CCACCCTNTT GGGGCCATGC 1200
5 CAA 1203

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 7

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR:
10 (B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

- 15 (A) NOM/CLE: TSAP 7
(B) EMPLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 7 :

TSAP7

20 GCGCATCCAG TCATTCTTTA TTTCAGTGTS TGAAAGCCTC CTACGCATTT TCCCCCAAT 60
TAATTTTAA TCCATTTTCA AACGAGCCTT TACTGTGGCC TTTTCTGCTA TTTTGGATAT 120
ATGTTAGCAC GTGTGCATAG 140

25 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 8

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR:
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
30 (D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: TSAP 8
(B) EMPLACEMENT:

35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 8 :

TSAP8

CACGTNAAAG TACCACATCC NCCCCATTG GTAGATATTG ANAGAGTATA TANATAGGNC 60
 GAAGCACAAT CTCTTCCTT CCTNTGTACA CCTCANACCC AGTGACTTCC NACCNAAGCN 120
 5 CNTGANTGTN TTTGTNGATA TGAGTGTCTG NGTGTGTGNA TNTGCGTCTC ACATGTATGG 180
 GACGACCNAC CCCACCCCCA GCGGCCTTCA NGCACAATNG AGGACGCCTA TNGTGGATAC 240
 GNGCATCGGT_AAAANAGC 257

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 9

- 10 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR:
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION : linéaire
 15 (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc
 (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: TSIP 1
 (B) EMPLACEMENT:
 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 9 :

20 **TSIP1**

GGAGGGGGTC TAGCTTTCTC TTTAGTTATC ACTCTGAGGT GTCAGGTCA CAGAGAAGG 60
 ACTTAATTGG GAAGGTGATC TGATTCCGGC CATCTTCTCT CCCTTTACCA A 120

25 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 10

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR:
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 30 (D) CONFIGURATION : linéaire
 (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc
 (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: TSIP 2
 (B) EMPLACEMENT:
 35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 10 :

TSIP2

	CACCGGTGAGACCTCTAGGGCGGGGCCTAGGACGACCTGCTCCGTGGGCGCGAGTATTC	60
	GTCGGAAACAAAACAGCGGCAGCTGAGGCGGAAACCTAGGCTGCGAGCCGGCCGCCCGGG	120
5	CGCGGAGAGAGAAGGAACCAACACAAGACAGCAGCCCTTCGAGGTCTTTAGGCAGCTTGG	180
	AGGAGAACACATGAGAGAAAGAATCCCAAGAGGTTTTGTGTTTCTTTGAGAAGGTATTTCT	240
	GTCCAGCTGCTCCAATGACAGAGATACCTGCACCTTTGTCTACTTCCAGAATGCCCCAGA	300
	TGTCTGAGGACAGCCACTCCAGCAGCGCCATCCGGAGCCAGAATGACAGCCAAGAACGGC	360
10	AGCAGCAGCATGACAGGCAGAGACTTGACAACCCTGAGCCAATATCTAATGGCCGGCCCC	420
	AGAGTAACTCAAGACAGGTGGTGGAAACAAGATGAGGAGGAAGACGAAGAGCTGACATTGA	480
	AATATGGAGCCAAGCATGTCATCATGCTCTTTGTCCCCGTGACCCTCTGCATGCTCGTCG	540
	TCGTGGCCACCATCAAATCAGTCAGCTTCTATACCCGGAAGGACGGTCAGCTAATCTACA	600
	CCCCATTACAGAAGACACTGAGACTGTAGGCCAAAGAGCCCTGCACTCGATCCTGAATG	660
15	CGGCCATCATGATCAGTGTCATTGTGATTATGACCATCCTCCTGGTGGTCCTGTATAAAT	720
	ACAGGTGCTACAAGGTCATCCACGCCTGGCTTATTATTTTCATCTCTGTTGTTGCTGTTCT	780
	TTTTTTCGTTTCACTTACTTAGGGGAAGTATTTAAGACCTACAAATGTCGCCCGTGGACTACG	840
	TTACAGTAGCACTCCTAATCTGGAATTTTGGTGTGGTCGGGATGATTGCCATCCACTGGA	900
20	AAGGCCCCCTTCGACTGCAGCAGGCGTATCTCATTATGATCAGTGCCCTCATGGCCCTGG	960
	TATTTATCAAGTACCTCCCCGAATGGACCGCATGGCTCATCTTGGCTGTGATTTTCAGTAT	1020
	ATGATTTGGTGGCTGTTTTATGTCCCAAAGGCCCACTTCGTATGCTGGTTGAACAGCTC	1080
	AGGAAGAAATGAGACTCTCTTTCCAGCTCTTATCTATTCCTCAACAATGGTGTGGTTGG	1140
	TGAATATGGCTGAAGGAGACCCAGAAGCCCCAAAGGAGGGTACCCAAGAACCCCAAGTATA	1200
25	ACACACAAAGAGCGGAGAGAGAGACACAGGACAGTGGTTCTGGGAACGATGATGGTGGCT	1260
	TCAGTGAGGAGTGGGAGGCCCCAAAGAGACAGTCACCTGGGGCCTCATCGCTCCACTCCCG	1320
	AGTCAAGAGCTGCTGTCCAGGAACCTTCTGGGAGCATTCCTAACGAGTGAAGACCCGGAGG	1380
	AAAGAGGAGTAAACTTGGACTGGGAGATTTTCATTTTCTACAGTGTCTGGTTGTAAGG	1440
30	CCTCAGCAACCGCCAGTGGAGACTGGAACACAACCATAGCCTGCTTTGTAGCCATACTGA	1500
	TCGGCCTGTGCCTTACATTACTCCTGCTCGCCATTTTCAAGAAAGCGTTGCCAGCCCTCC	1560
	CCATCTCCATCACCTTCGGGCTCGTGTTCTACTTCGCCACGGATTACCTTGTGCAGCCCT	1620
	TCATGGACCAACTTGCATTCCATCAGTTTTATATCTAGCCTTTCTGCAGTTAGAACATGG	1680
	ATGTTTCTTCTTTGATTATCAAAAACACAAAAACAGAGAGCAAGCCCGAGGAGGAGACTG	1740
35	GTGACTTTCTGTGTCCTCAGCTAACAAAGGCAGGACTCCAGCTGGACTTCTGCAGCTTC	1800
	CTTCCGAGTCTCCCTAGCCACCCGCACTACTGGACTGTGGAAGGAAGCGTCTACAGAGGA	1860

INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 11

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 3 humain

10 (B) EMLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 11 :

TSAP3 humain

```

m s r g t a t a l p t g t s k c p p s g
atgagccgtcagactgctacagcattacctaccggtaccctcgaagtgtccaccatcccag
10 20 30 40 50 60

r v p a l t g t t a s n n d l a s i f e
aggggtgcctgcccctgactggcacaactgcattccaacaatgacttggcgagctcttttgag
15 70 80 90 100 110 120

c p v c f d y v l p p i l c c c s g h i
tgtccagtctgtgttgactatgtgttaccgcccattctttcaatgtccagagtggccattctt
130 140 150 160 170 180

v c s n c r p k l t c c p t c r g p i g
gtttgtagcaactgtcgcacaaagctcacatgttgttccaaacttgccggggcccttttggga
20 190 200 210 220 230 240

s i r n i a m e k v a n s v l f p c k y
tccatttcgcaacttggctatggagaaagtggctaattcagtaactttttcccttgtaaatat
250 260 270 280 290 300

a s s g c e i t l p h t e k a d h e e i
gggtttttcggatgtgaaataactctgccacacacagaaaaagcagaccatgaagagcttc
25 310 320 330 340 350 360

c e f r p y s c p c p g a s c k w q g s
tgtgagtttttaggccttatttctgtccgtgcccctgggtgcttctctgtaaatggcaaggctctt
370 380 390 400 410 420

l d a v m p h i m h q h k s i t t l q g
ctggatgctgtaattgtcccatctgatgcattcagcataagtccattacaacccctacagggga
430 440 450 460 470 480

a d i v f l a t d i n l p g a v d w v m
gaggatatagttttttcttgctacagacattaatcttctctggtgctgttgactggsgtgatg
30 490 500 510 520 530 540

m g s c f g f h f m l v l e k q e k y d
atgcagtcctgttttggcttttcaattcatgttagtcttagagaaacaggaaaaatacgaat
550 560 570 580 590 600

g h g g f f a i v g l i s t r k c a e n
ggtcaccagcagtttttgcgaatcgtacagctgataggaacacgcaagcaagctgaaaat
35 610 620 630 640 650 660

```

f a y r l e l n g h r r r i t w e a t p
tttgcttaccgacttgagctaaatgggtcataggcgacgattgacttgggaagcgactcct
670 680 690 700 710 720

r s i h e g i a t a i m n s d c l v i d
cgatctattcatgaaggaattgcaacagccattatgaatagcgactgtcttagctcttgac
730 740 750 760 770 780

5 p a l h s f l q t n g n l g i n v t i s
ccagcattgcacagctttttgcagacaaatggcaatttaggcattcaatgtaactatttc
790 800 810 820 830 840

m c
atgtgttgaaatggcaatcaaacattttctggccagtggtttaaaacttcagtttcacaga
850 860 870 880 890 900

10 aaataaggcaccatctgtctgccaaacctaaaactctttcggtaggtagaagcccgacat
910 920 930 940 950 960

gaaggccaataaaaagaaagactgctaaatacaggaaacagttcccatgtagtaacactaa
970 980 990 1000 1010 1020

cataatttaaaaataagtcacacagtaaacactgaaaaaatatgtatatataccccaaga
1030 1040 1050 1060 1070 1080

15 tgggcattcttttgtatttaagaaaggagcattgttaaaataactcttgagtttttggtttgt
1090 1100 1110 1120 1130 1140

tgtagattgattgtattgtttgaaaaagttttgtttttgctgggagtggttgcttggttg
1150 1160 1170 1180 1190 1200

gtgtgtgggtgttttgggtttttttcttttaactgacaagccattcttgagtggttcattgggc
1210 1220 1230 1240 1250 1260

20 caattgtttttcttttgtgagtcacacacatagtgctgctgtaagccgtttttgtgtgtat
1270 1280 1290 1300 1310 1320

ctgctaatttttatttaattttcagtttttcatttaataaatttgacttttctgtaatttcag
1330 1340 1350 1360 1370 1380

gtttttcttttttttgtaccatttttaagtttagtatcttttgatatggcatatttggtta
1390 1400 1410 1420 1430 1440

25 tggtaaaaaatttataacgggttcaatatctttctttttcccccatcaatcaagttccattgg
1450 1460 1470 1480 1490 1500

aaatattttaaaaccagcctatttttgggtgaacccatgagttcccagaaagttaaagggtgac
1510 1520 1530 1540 1550 1560

acctggaaaaataatccaaaagcctatttttaagccacctataagggtgccccctttcttg
1570 1580 1590 1600 1610 1620

30 ttttctacagatgagtcacaccttttgagccttaacctttgaaagggttagagaaataaatt
1630 1640 1650 1660 1670 1680

gatttttataaataactgcaaatccaggctttttgtttctttttccagatatctttggaca
1690 1700 1710 1720 1730 1740

aatcacatatttttaaattttgttctttgtattttattggttttgcagaagaaggcatctgtca
1750 1760 1770 1780 1790 1800

35 tgcacagtattttgtaattaaaagcaaatccattttgttttaaaaaggcagttttgcaaaaaat
1810 1820 1830 1840 1850 1860

gtttttgggttttttataattctca
1870 1880

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) Liang P. & Pardee A.B. (1992) Science, 257, 967-971.
- (2) Don R.H., Cox P.T., Wainwright B.J., Baker K. & Mattick J.S. (1991) Nucl.
5 Acids Res., 19, 4008.
- (3) Yonish-Rouach E., Resnitzky D., Lotem J., Sachs L., Kimchi A. & Oren M.
(1991) Nature 352, 345-347.
- (4) Bauer D., Muller H., Reich J., Riedel H., Ahrenkiel V., Warthoe P. &
Strauss M. (1993) Nucl. Acids Res. 21, 4272-4280.
- 10 (5) Sambrook J., Fritsch E.F. & Maniatis T. (1989) Molecular Cloning: a
laboratory manual.
- (6) Okamoto K. & Beach D. (1994) EMBO J., 13, 4816-4822.
- (7) Angerer L. & Angerer R.C. (1991) Methods in cell biology : functional
organization of the nucleus, 35, 37-71.
- 15 (8) Linares-Cruz G., Rigaut J.P., Vassy J., De Oliveira T.C., De Cremoux P.,
Olofsson B. & Calvo F. (1994) J. Microsc., 173, 27-38.
- (9) Bieche I. and Lidereau R., Genes Chromosomes and Cancer 14, 227-251
(1995).
- (10) Wang-Wuu S., Soukup S., Bove K., Gotwals B. and Lampkin B., Cancer
20 Research 50, 2786-2793 (1990).
- (11) Maw M.A. et al., Cancer Research 52, 3094-3098 (1992).
- (12) Austruy E. et al., Genes, Chromosomes and Cancer, 14, 285-294 (1995).
- (13) Kuytek-Black A.E. et al., Nat. Genet 5(4) 392-396 (1993).
- (14) Newsham I. et al., Genes Chromosomes and Cancer 12(1), 1-7, (1995).
- 25 (15) Sherrington et al., Nature, vol. 375, p. 754-760 (1995).

REVENDICATIONS

- 1) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
5 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 4 à 11 ou
un gène équivalent qui comporte :
(b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
(c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)
ou (b), ou
(d) 10 une séquence codant pour une protéine codée par un gène
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente.
- 2) Séquence selon la revendication 1, caractérisée en ce que
l'expression cellulaire du gène est induite lors de l'apoptose cellulaire.
- 3) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
15 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 1 et 3 ou
un gène équivalent qui comporte :
(b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
(c) 20 une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)
ou (b), ou
(d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,
caractérisée en ce que l'expression cellulaire du gène est induite par la
suppression tumorale.
- 4) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
25 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 2 ou
un gène équivalent qui comporte :
(b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
(c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)
ou (b), ou
(d) 30 une séquence codant pour une protéine codée par un gène
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,
caractérisée en ce que l'expression cellulaire du gène est induite par
l'apoptose cellulaire.
- 5) Séquence selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisée en
ce que l'expression cellulaire du gène est induite par p53.
- 35 6) Séquence selon la revendication 2 ou 4, caractérisée en ce que
l'apoptose cellulaire est induite par p53.

7) Séquence selon l'une des revendications 1 à 6, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain ou un gène équivalent.

8) Séquence selon la revendication 1, caractérisée en ce que
5 l'expression cellulaire du gène est inhibée lors de l'apoptose cellulaire.

9) Séquence selon la revendication 8, caractérisée en ce que l'apoptose cellulaire est induite par p53.

10) Séquence selon l'une des revendications 1 et 8 et 9, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi TSIP 1 et TSIP 2 ou un gène équivalent.
10

11) Vecteur d'expression cellulaire d'une séquence selon l'une des revendications 1 à 10.

12) Vecteur d'expression selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un vecteur viral.

13) Vecteur selon la revendication 12, caractérisé en ce qu'il s'agit
15 d'un adénovirus, d'un rétrovirus, d'un virus herpès ou d'un poxvirus.

14) Vecteur selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un vecteur à acide nucléique nu.

15) Vecteur selon l'une des revendications 11 à 13, caractérisé en
20 ce qu'il comporte une séquence assurant le ciblage et/ou l'expression spécifique des tissus ou organes.

16) Cellule transformée par un vecteur d'expression selon l'une des revendications 11 à 15.

17) Protéine pouvant être obtenue par culture de cellule
25 transformée selon la revendication 16 et codée par la séquence selon l'une des revendications 1 à 10.

18) A titre de médicament, un vecteur selon l'une des revendications 11 à 15 ou une protéine selon la revendication 17.

19) A titre de médicament, un composé assurant l'expression
30 cellulaire d'au moins une des séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 1 à 7 ou de leurs produits.

20) A titre de médicament selon la revendication 19, un vecteur nucléotidique assurant l'expression cellulaire de ladite séquence.

21) A titre de médicament, un composé assurant l'inhibition de
35 l'expression cellulaire d'au moins un gène cellulaire selon l'une des revendications 1, 8 à 10 ou de leurs produits.

22) A titre de médicament selon la revendication 21, un nucléotide activé assurant le blocage de la séquence nucléotidique.

23) A titre de médicament selon la revendication 21, un anticorps monoclonal dressé contre la ou les protéines codées par la séquence
5 nucléotidique.

24) A titre de médicament destiné au traitement du cancer, un médicament selon l'une des revendications 18 à 23.

25) A titre de médicament destiné au traitement de la maladie d'Alzheimer, un médicament selon l'une des revendications 18 à 23.

10 26) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi des cancers, tout ou partie des séquences selon l'une des revendications 1 à 10 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification.

15 27) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi des cancers un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'une des revendications 1 à 10 ou les anticorps correspondants.

20 28) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi de la maladie d'Alzheimer, tout ou partie des séquences selon l'une des revendications 1, 5, 7 à 10 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification.

25 29) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi de la maladie d'Alzheimer un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'une des revendications 1, 5, 7 à 10 ou les anticorps correspondants.

30) A titre d'agent antiviral, un médicament selon la revendication 20.

31) Modèle pour la mise en évidence de médicament anticancéreux, des cellules selon la revendication 16.

30 32) A titre de perfectionnement de la méthode de Liang et Pardee le fait d'utiliser une diminution en palier lors de l'amplification PCR.

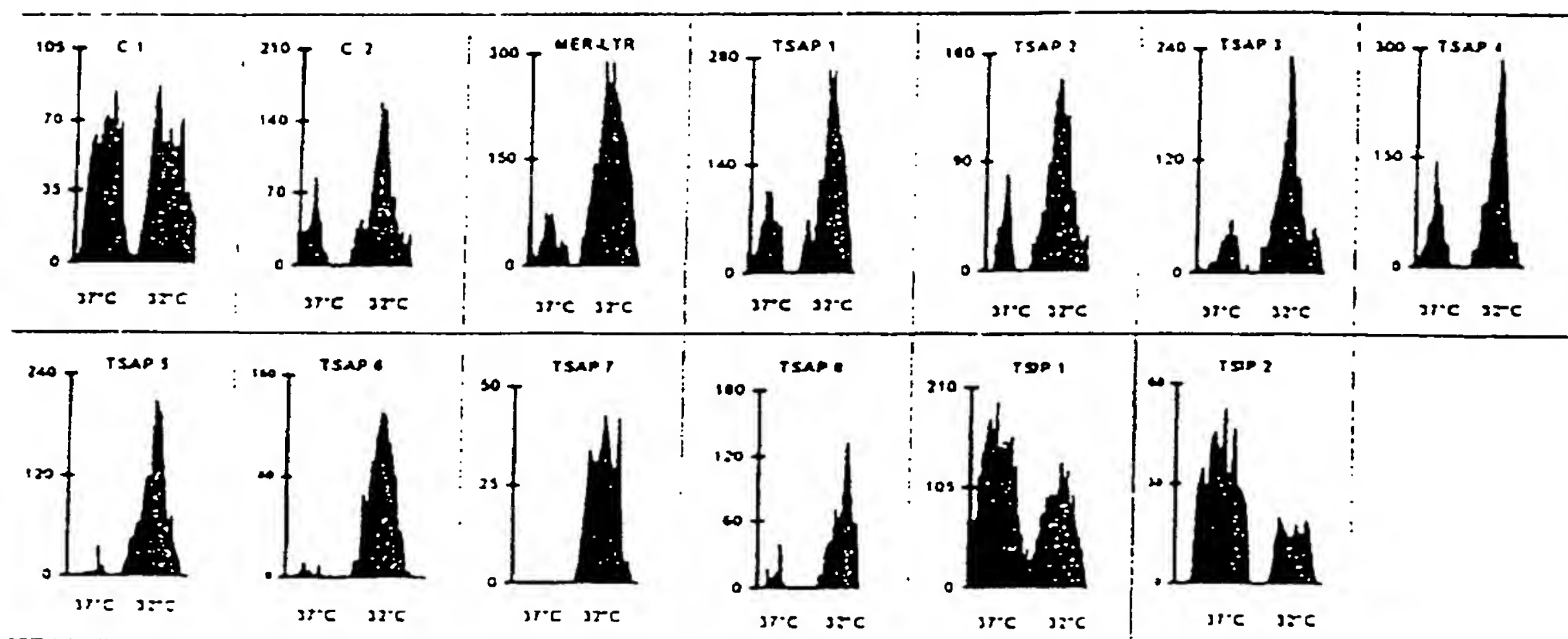


FIG. 1

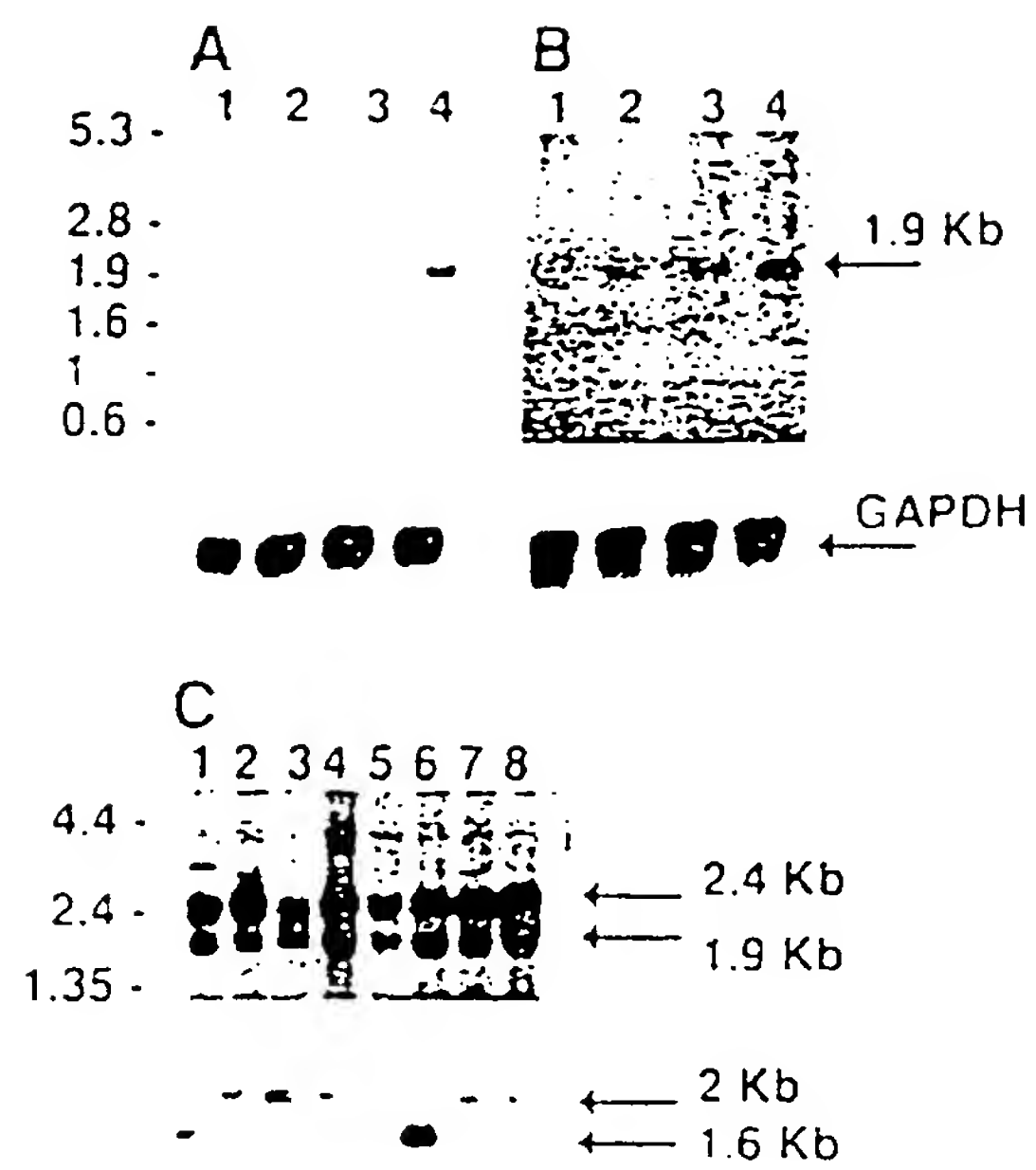


FIG. 2

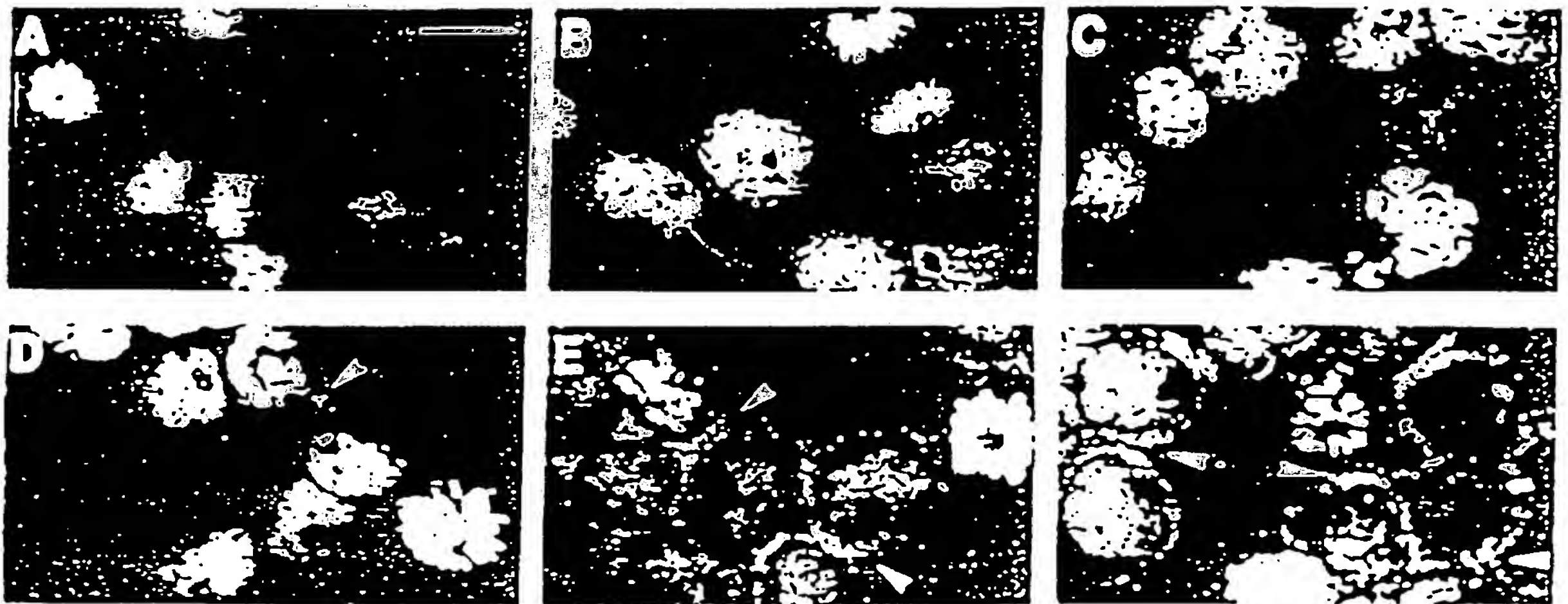


FIG. 3

```

TSAP1
10.                                     TGATCAGGTAC
                                         :   :   :
ratPLC    CTTCTTCTACTTAACAATTTGACTATTGAATTTCTTTGCCCAACCAAAGTAGCTATGTAC
           3970      3980      3990      4000      4010      4020

           20       30       40       50       60       70
TSAP1     ACACACACACACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAT
           : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ratPLC     ACACACACACACACACACACACACACA-----CACACACACACACACAGAAAT
           4030      4040                        4050      4060

           80       90       100      110      120      130
TSAP1     CCCCTATTCCCTGACAGGCAGAGTTGAATCATGATATATGGCTTAACATGTTTGCTATGA
           : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ratPLC     CCCCTATTCCCTGACAGGCAGAGTTGAACCATTAATCCACAACCTTAACATGTTGCGTAGGG
           4070      4080      4090      4100      4110      4120

           140      150      160      170      180      190
TSAP1     GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGCTGATAACAACCTCTGCTTTCTGCTGCATTAGGAC
           : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ratPLC     GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGCTGATAACAACCTCTGCTTTCTGCTGCATTAGGAC
           4130      4140      4150      4160      4170      4180

           200      210      220      230
TSAP1     ATTTTTGAGCTGCTGCTGCTGCAAA-AAAAATAAGAGCCC
           : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ratPLC     ATGTTTCGAGCTGCTGCTG--GAAAAGGAAATTAGTGCATTACTACTTTAATGGCAAGCC
           4190      4200      4210      4220      4230      4240

```

FIG. 4

TSAP2

10 20 30 40 50 60

TSAP2 CCTTGGAACCAATCTACAACAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACTCGAGAGTTCCGTACCC

 :: :: :::::::::: :::::::::::::::::::::::::: :::::::::: ::::

humzfmlc.seq CCCCTGAGCCCATCTACAATAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACCCGAGAGTTCCGCACCC

 250 260 270 280 290 300

 70 80 90 100 110 120

TSAP2 GCAAAAAAAAAAATCTCTTGTTTTCCTAAGCTTTCCCTGTGCTAGGGAAAGATCAGT

 ::::::::::

humzfmlc.seq GCAAAAAGCTGGAAGAGGAGCGGCACAACCTCATCACAGAGATGTTGCACTCAATCCGG

 310 320 330 340 350 360

 130 140

TSAP2 AAGTCCGTGGTTATAGATTGGTT

humzfmlc.seq ATTTCAAGCCACCTGCAGATTACAAACCTCCAGCAACACGTGTGACTGAT

 370 380 390 400 410

FIG. 5

TSAP3

10

TSAP3 3

TTTTTTTTTTTC

::::

mmsiah1b.seq TTGTAAATATTTCTGAACTTTGTATTGTTGTAGATTGATTGTATTGTTGACAAATTTT

1450 1460 1470 1480 1490 1500

20 30 40 50 60 70

TSAP 3 CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCGTGCACGTGTGTGCTTGCTTTTCCTTTAACA

::

mmsiah1b.seq CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCGTGCACGTGTGTGCTTGCTTTTCCTTTAACA

1510 1520 1530 1540 1550 1560

80 90 100 110 120 130

TSAP 3 GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTGAGTCAACACATAGTCTGCTGT

::

mmsiah1b.seq GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTGAGTCAACACATAGTCTGCTGT

1570 1580 1590 1600 1610 1620

140

TSAP3 GGTTTGGGCTTTGGT

::::: :::::

mmsiah1b.seq GGTTTGGTTTGGTTTGCTTTTGCTTTTTCATGTGTCTCTATTTCATAATTTTATTCTA

1630 1640 1650 1660 1670 1680

FIG. 6

HUMSIAH	-----MSRQTATALPTGTSKCPPSQRVPAITGTTASNN-----
MMSIAH1A_1	-----MSRQTATALPTGTSKCPPSQRVPAITGTTASNN-----
MMSIAH1B_1	-----MSRQAATALSTGTSKCPPSQRVPAITDTTASNN-----
DROSINA_1	MSNKIMPKRREPTAAAAGAGATGVATNTSTSTGSSSAGNTSSANTSSSSSSSLSSAGGGD

HUMSIAH	-----DLASLFECPVCFDYVLPPILOQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIKRLAME
MMSIAH1A_1	-----DLASLFECPVCFDYVLPPILOQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIKRLAME
MMSIAH1B_1	-----DLASLFECPVCFDYVLPPILOQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIKRLAME
DROSINA_1	AGMSADLTSLFECPVCFDYVLPPILOQCSSGHLVCSNCRSKLTCCPTCRGPLANIKRLAME

HUMSIAH	KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGSIDAVMPHL
MMSIAH1A_1	KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGSIDAVMPHL
MMSIAH1B_1	KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGSIDAVMPHL
DROSINA_1	KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGSIDAVMPHL

HUMSIAH	MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVMMQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
MMSIAH1A_1	MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVMMQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
MMSIAH1B_1	MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVMMQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
DROSINA_1	MMSHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVMMQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI

HUMSIAH	VQLIGTRKQAENFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAIMNSDCLVFDTSIAQLFA
MMSIAH1A_1	VQLIGTRKQAENFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAIMNSDCLVFDTSIAQLFA
MMSIAH1B_1	VQLIGTRKQAENFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAIMNSDCLVFDTSIAQLFA
DROSINA_1	VQLIGSRKEAENFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIVASAIMNSDCLVFDTSIAQLFA

HUMSIAH	ENGNLGINVTISMC
MMSIAH1A_1	ENGNLGINVTISMC
MMSIAH1B_1	ENGNLGINVTISMC
DROSINA_1	ENGNLGINVTISLV

FIG. 7

		10	20	30
1 mms182		-----	-----	-----
3	
2 tsip2		CACCGGTGAG	ACCTCTAGGG	CGGGGCCTAG
		40	50	60
1 mms182		-----	-----	-----
3	
2 tsip2		GACGACCTGC	TCCGTGGGCC	GCGAGTATTC
		70	80	90
1 mms182		-----acc	anacancggc	agctgaggcg
3	
2 tsip2		GTCGGAAACA	AAACAGCGGC	AGCTGAGGCG
		100	110	120
1 mms182		gaaacctagg	ctgcgagccg	gccgccccggg
3		-----	-----	-----
2 tsip2		GAAACCTAGG	CTGCCAGCCC	CCCGCCCCGGG
		130	140	150
1 mms182		cgcgagagaga	gaaggaacca	acacaagaca
3		-----	-----	-----
2 tsip2		CGCGGAGAGA	GAAGGAACCA	ACACAAGACA
		150	170	180
1 mms182		gcagcccttc	gaggtcttta	ggcagcttgg
3		-----	-----	-----
2 tsip2		GCAGCCCTTC	GAGGTCTTTA	GGCAGCTTGC
		190	200	210
1 mms182		aggagaacac	atgagagaaa	gaatcccaag
3		-----	-----	-----
2 tsip2		AGGAGAACAC	ATGAGAGAAA	GAATCCCAAG
		220	230	240
1 mms182		aggttttgct	ctctttgaga	aggtattttct
3		-----	-----	-----
2 tsip2		AGGTTTTCCT	CTCTTTGAGA	AGGTATTTCCT
		250	260	270
1 mms182		gtccagctgc	tccaatgaca	gagatacctg
3		-----	-----	-----
2 tsip2		GTCCAGCTGC	TCCAATGACA	GAGATACCTC
		280	290	300
1 mms182		cacctttgtc	ctacttccag	aatgccccaga
3		-----	-----	-----
2 tsip2		CACCTTTGTC	CTACTTCCAG	AATGCCCCAGA
		310	320	330
1 mms182		tgtctgagga	cagccactcc	agcagcgcca
3		-----	-----	-----
2 tsip2		TGTCTGAGGA	CAGCCACTCC	AGCAGCGCCA

FIG. 8

1 mms182 3 2 tsip2	<div>340350360</div> cccggagcca gaatgacagc caagaacggc ----- TCCGGAGCCA GAATGACAGC CAAGAACGGC
1 mms182 3 2 tsip2	<div>370380390</div> agcagcagca tgacaggcag agacttcgaca ----- AGCAGCAGCA TGACAGGCAG AGACTTGACA
1 mms182 3 2 tsip2	<div>400410420</div> accctgagcc aatatctaataat gggcggcccc ----- ACCCTGAGCC AATATCTAAT GGGCGGCCCC
1 mms182 3 2 tsip2	<div>430440450</div> agagtaactc aagacaggctg gtggaacaag ----- AGAGTAACTC AAGACAGGCTG GTGGAACAAG
1 mms182 3 2 tsip2	<div>460470480</div> atgaggagga agacgaagag ctgacattga ----- ATGAGGAGGA AGACGAAGAG CTGACATTGA
1 mms182 3 2 tsip2	<div>490500510</div> aataatggagc caagcatgtc atcatgctct ----- AATATGGAGC CAAGCATGTC ATCATGCTCT
1 mms182 3 2 tsip2	<div>520530540</div> ctgtccccgt gaccctctgc atggtcgtcg ----- TTGTCCCCGT GACCCTCTGC ATGGTCGTCTG
1 mms182 3 2 tsip2	<div>550560570</div> tcgtggccac catcaaatca gtcagcttct ----- TCGTGGCCAC CATCAAAATCA GTCAGCTTCT
1 mms182 3 2 tsip2	<div>590600610</div> atacccgga ggaaggctcag ccaatctaca ----- ATACCCGGAA GGACGGTCAG CTAATCTACA
1 mms182 3 2 tsip2	<div>610620630</div> ccccattcac ageagacact gagactgtag ----- CCCCATTCAC AGAAGACACT GAGACTGTAG
1 mms182 3 2 tsip2	<div>640650660</div> gccaaagagc cctgcaactcg atcctgaatg ----- GCCAAAGAGC CCTGCAACTCG ATCCTGAATG

FIG. 8 (suite)

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

1 mms182 3 2 tsip2	<div>670 680 690</div> cggccatcac gaccagtggc attgtcatta ----- CGGCCATCAT GATCAGTGTC ATTGTCAATTA
1 mms182 3 2 tsip2	<div>700 710 720</div> tgaccatccc cctggguggc cctgtataaat ----- TGACCATCCT CCTGGTGGTC CTGTATAAAT
1 mms182 3 2 tsip2	<div>730 740 750</div> acagggtgcta caagggtcacc cacgcccggc ----- ACAGGTGCTA CAAGGTCAAC CACGCCCTGGC
1 mms182 3 2 tsip2	<div>750 760 780</div> ctattatccc accctctgtg ctgctgtccc ----- TTATTATTTC ATCTCTGTTG TTGCTGTTCT
1 mms182 3 2 tsip2	<div>790 800 810</div> ccccctcgtc cacttacctc ggggaagat ----- TTTTTTCGTT CATTACTTA GGGGAAGTAT
1 mms182 3 2 tsip2	<div>820 830 840</div> ttaagacctc caatgtcgcc gtggactacg ----- TTAAGACCTA CAATGTCCGC GTGGACTACG
1 mms182 3 2 tsip2	<div>850 860 870</div> ctacagtggc acccctaacc tggaaatctg ----- TTACAGTAGC ACTCCTAATC TCGAATTTTC
1 mms182 3 2 tsip2	<div>880 890 900</div> gtgtggctgg gattgctggc atccactgga ----- GTGTGGTGGG GATGATTGCC ATCCACTGGA
1 mms182 3 2 tsip2	<div>910 920 930</div> aaggcccccc tggactggag caggcgatcc ----- AAGGCCCCCT TGGACTGGAG CAGCGGTATC
1 mms182 3 2 tsip2	<div>940 950 960</div> tcattatgat cagtggccctc atggccctgg ----- TCATTATGAT CAGTGGCCCTC ATGGCCCTCG
1 mms182 3 2 tsip2	<div>970 980 990</div> tatttatcaa gtacctcccc gaattggaccg ----- TATTTATCAA GTACCTCCCC GAATGGACCG

FIG. 8 (suite)

1 mms132 3 2 tsip2	1000	1010	1020
	catggctcat	cttggctgts	atttcagtat
	CATGGCTCAT	CTTGGCTGTS	ATTTCAGTAT
1 mms132 3 2 tsip2	1030	1040	1050
	atgatttggc	ggctgttta	tgccccaaag
	ATGATTTGCT	GGCTGTTTAA	TGTCCCCAAAG
1 mms132 3 2 tsip2	1060	1070	1080
	gcccacttcg	catgctggct	gaaacagctc
	GCCCCTTCG	TATGCTGGCT	GAAACAGCTC
1 mms132 3 2 tsip2	1090	1100	1110
	aggaaagaaa	tgagactctc	tttccagctc
	AGGAAAGAAA	TGAGACTCTC	TTTCCAGCTC
1 mms132 3 2 tsip2	1120	1130	1140
	ttatctattc	ctcaacaatg	gtgtggttgg
	TTATCTATTC	CTCAACAATG	GTGTGCTTGG
1 mms132 3 2 tsip2	1150	1160	1170
	tgaatatggc	tgaaggagac	ccagaagccc
	TGAATATGCC	TGAAGGAGAC	CCAGAAGCCC
1 mms132 3 2 tsip2	1180	1190	1200
	aaaggagggc	acccaagaac	cccaagtata
	AAAGGAGGGT	ACCCAAGAAC	CCCAAGTATA
1 mms132 3 2 tsip2	1210	1220	1230
	acacacaaag	agcggagaga	gagacacagg
	ACACACAAAG	AGCGGAGAGA	GAGACACAGG
1 mms132 3 2 tsip2	1240	1250	1260
	acagtggctc	tgggaacgat	gatggcggcc
	ACAGTGGTTC	TGGGAACGAT	GATGCTGGCT
1 mms132 3 2 tsip2	1270	1280	1290
	tcagtgagga	gtgggaggcc	caaagagaca
	TCAGTGAGGA	GTGGGAGGCC	CAAAGAGACA
1 mms132 3 2 tsip2	1300	1310	1320
	gtcaccctggg	gcctcatcgc	tccactccccg
	GTCACCTGGG	GCCTCATCGC	TCCACTCCCCG

FIG. 8 (suite)

1 mms182 3 2 tsip2	1330 1340 1350
	agccaagagc tgcctgccag gaactctctg ----- AGTCAAGAGC TCCTGTCCAG GAACTTTCTC
1 mms182 3 2 tsip2	1360 1370 1380
	ggagcattct aacgagtga gacccggagg ----- GGAGCATTCT AACGAGTGAA GACCCGGAGG
1 mms182 3 2 tsip2	1390 1400 1410
	aaagaggagt aaaacttgga ctgggagatt ----- AAAGAGGAGT AAAACTTGGA CTGGGAGATT
1 mms182 3 2 tsip2	1420 1430 1440
	tcattttctta cagtgttctg gtcggtaagg ----- TCATTTTCTA CAGTGTTCCTG GTTCGTAAGG
1 mms182 3 2 tsip2	1450 1460 1470
	cctcagcaac cggcaglyga gactggaaca ----- CCTCAGCAAC CGCCAGTGGG GACTGGAACA
1 mms182 3 2 tsip2	1480 1490 1500
	caaccatagc ctgctttgta gccatactga ----- CAACCATAGC CTGCTTTGTA GCCATACTGA
1 mms182 3 2 tsip2	1510 1520 1530
	tcggccctgtg ccttacatta ctctctgctcg ----- TCGGCCCTGTG CCTTACATTA CTCTCTGCTCG
1 mms182 3 2 tsip2	1540 1550 1560
	ccattttcaa gaaagccttc ccagcccttc ----- CCATTTTCAA GAAAGCCTTC CCAGCCCTTC
1 mms182 3 2 tsip2	1570 1580 1590
	ccattctccat caacttcggg ctctgttctt ----- CCATCTCCAT CAACCTTCGGG CTCGTGTTCT
1 mms182 3 2 tsip2	1600 1610 1620
	acttcgccac ggattacctt gtgcagccct ----- ACTTCGCCAC GGATTACCTT GTGCAGCCCT
1 mms182 3 2 tsip2	1630 1640 1650
	tcattggacca acttgcatcc catcagtttt ----- TCATGGACCA ACTTGCACTC CATCAGTTTT

FIG. 8 (suite)

		1650	1670	1680
1 mms182		atattctagcc	ttctctgcagt	tagaacacgg
2 tsip2		ATATCTAGCC	TTTCTGCAGT	TAGAACATCG
		1690	1700	1710
1 mms182		atgtttcttcc	tttgcattatc	aaaaacacaa
2 tsip2		ATGTTTCTTC	TTTGCATTATC	AAAAACACAA
		1720	1730	1740
1 mms182		aaacagagag	caagccccgag	gaggagactcg
2 tsip2		AAACAGAGAG	CAAGCCCCGAG	GAGGAGACTCG
		1750	1760	1770
1 mms182		gtgactttccc	tgctgctctca	gctaacaaga
2 tsip2		GTGACTTTCC	TGTGTCTCTCA	GCTAACAAAG
		1780	1790	1800
1 mms182		gcaggactccc	agctggacttc	ctgcagcttcc
2 tsip2		GCAGGACTCC	AGCTGGACTT	CTGCAGCTTC
		1810	1820	1830
1 mms182		cttccgagctc	ttccctagcca	cccgcaactac
2 tsip2		CTTCCGAGTC	TCCCTAGCCA	CCCGCACTAC
		1840	1850	1860
1 mms182		ctgactgtgg	aaggaagcgt	ctacagagga
2 tsip2		CTGACTGTGG	AAGGAAGCGT	CTACAGAGGA
		1870	1880	1890
1 mms182		acggctttcca	acatcccatcg	ctgcagcaga
2 tsip2		ACGGTTTCCA	ACATCCATCG	CTGCAGCAGA
		1900	1910	1920
1 mms182		cggctgtccct	cactgacttc	agagacaagg
2 tsip2		CGGTGTCCCT	CAGTCACTTC	AGAGACAAGG
		1930	1940	1950
1 mms182		acaaggaaac	gtgctggggcc	aaggagcttc
2 tsip2		ACAAGGAAAC	GTCCTGGGCC	AAGGAGCTTC
		1960	1970	1980
1 mms182		cgtgctctccc	tagctttgac	cgtgggcatg
2 tsip2		CGTGCTCTCC	TAGCTTTGAC	CGTGGGCATG

FIG. 8 (suite)

		1990	2000	2010
1 mms182		gagatttacc cgcaccgga accctccaag		
3		-----		
2 tsip2		GAGATTTACC CGCACTGTGA ACTCTCTAAG		
		2020	2030	2040
1 mms182		gtaaacaaag cggggtgaac c		
3		-----		
2 tsip2		GTAAACAAAG TGAGGTGAAC CAAACAGAGC		
		2050	2060	2070
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		TGCCATYCTT CCAACCATG TTGGAAATAA		
		2080	2090	2100
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		AACCGTCCTA GCTGGAACCC TTACTGTCCC		
		2110	2120	2130
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		AGGAGGTTCC GTGTGGGGGT GGCCTGGGC		
		2140	2150	2160
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		CGGGCCTCCC TCTCAGGCTC CTTTGCTGCC		
		2170	2180	2190
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		CACTTGTAAG TTAAATAAG GACACCGCCC		
		2200	2210	2220
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		TACACAAACC TCACCCCTGT CACATCCAGT		
		2230	2240	2250
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		GACTCTGACC ACTTTAGTTC TCAAACTCTC		
		2260	2270	2280
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		TCACTATTAT CTGTGGTTGC CSTTTCTTCC		
		2290	2300	2310
1 mms182		<==		
3		<==		
2 tsip2		CAAGGCCAGC CTGGACGAAT TTGGGGTTCC		

FIG. 8 (suite)

1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TCTATCCTGA GAGTTGTAAC CTCAACTTCC	2320 2330 2340
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== AAAGTTTATA TTTTCTTGAA ATGATGGATC	2350 2360 2370
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TATTGCTCAA CAGTCCCTGT CATCCTTAAG	2380 2390 2400
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TGACTTCTGG GTTTCCTACA AATTCCTCAC	2410 2420 2430
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TTTLAGACAC ACTCTAAGCT TACTTCTGGC	2440 2450 2460
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== CTGGATGCTT CCTCTCCCTG TCTCTCCCTT	2470 2480 2490
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== GCCCCACAGC GGTTCCTTGA CAGCAGACAA	2500 2510 2520
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== GGCAGCTCTG GGAGGTAGCT AGTATCCAAT	2530 2540 2550
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== AACCCAGGGG TTTCTTCATG TGATGCAAAT	2560 2570 2580
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== ACTACGTGTC CAACCAATCA GTGCTGTCAA	2590 2600 2610
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== CGGGCTGCCA TAGCTCCTTC GATGGCAAAT	2620 2630 2640

FIG. 8 (suite)

		2550	2600	2670
1 mms132	<==			
3	<==			
2 tsip2	AGGATGTGTG CCCAAAGAAT TAAAGCGATC			
		2630	2690	2700
1 mms182	<==			
3	<==			
2 tsip2	AGTGGCTGGT G			

FIG. 8 (fin)



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C12N 15/12, 15/86, 5/10, C07K 14/47, 14/82, A61K 39/395, 48/00, C12Q 1/68, G01N 33/574, 33/68	A3	(11) Numéro de publication internationale: WO 97/22695 (43) Date de publication internationale: 26 juin 1997 (26.06.97)
(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR96/02061 (22) Date de dépôt international: 20 décembre 1996 (20.12.96) (30) Données relatives à la priorité: 95/15146 20 décembre 1995 (20.12.95) FR 96/04853 18 avril 1996 (18.04.96) FR (71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): FONDATION JEAN DAUSSET-CEPH [FR/FR]; 27, rue Juliette-Dodu, F-75010 Paris (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): TALERMAN, Adam [FR/FR]; 12, rue de la Chaise, F-75007 Paris (FR). AMSON, Robert [FR/FR]; 10, rue Gay-Lussac, F-75005 Paris (FR). COHEN, Daniel [FR/FR]; 3, rue de l'Orme-au-Mesnier, F-91600 Savigny-sur-Orge (FR). (74) Mandataires: MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet Regimbeau, 26, avenue Kléber, F-75116 Paris (FR).		(81) Etats désignés: CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Publiée <i>Avec rapport de recherche internationale.</i> (88) Date de publication du rapport de recherche internationale: 18 septembre 1997 (18.09.97)
(54) Title: NUCLEOTIDE SEQUENCES, PROTEINS, DRUGS AND DIAGNOSTIC AGENTS FOR TREATING CANCER (54) Titre: SEQUENCES NUCLEOTIDIQUES, PROTEINES, MEDICAMENTS ET AGENTS DIAGNOSTIQUES UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER (57) Abstract <p>A nucleotide sequence corresponding to a gene comprising (a) one of sequences SEQ ID 1 to 11, or an equivalent gene which comprises (b) a sequence hybridisable with one of the sequences of (a), (c) a sequence at least 80 % homologous with (a) or (b), or (d) a sequence coding for a protein encoded by a gene according to (a), (b) or (c), or for an equivalent protein, and the use thereof, in particular for controlling cancer as well as for therapeutic follow-up. These genes are in the TSAP (tumor suppressor activated pathway) group, designated TSAP 1 to TSAP 8 and TSAP 3 human (or HUMSIAH) and in TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) group, designated TSIP 1 and TSIP 2, both types of genes corresponding to sequences activated or inhibited, respectively, during cellular apoptosis, particularly that induced by p53.</p> (57) Abrégé <p>La présente invention concerne une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant: (a) une séquence selon l'une des IND. SEQ 1 à 11 ou un gène équivalent qui comporte: (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a), (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente, et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique. Ces gènes regroupés en TSAP (tumor suppressor activated pathway) et dénommés TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain (ou HUMSIAH), et en TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, ces deux types de gènes correspondant respectivement à des séquences induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.</p>		

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Arménie	GB	Royaume-Uni	MW	Malawi
AT	Autriche	GE	Géorgie	MX	Mexique
AU	Australie	GN	Guinée	NE	Niger
BB	Barbade	GR	Grèce	NL	Pays-Bas
BE	Belgique	HU	Hongrie	NO	Norvège
BF	Burkina Faso	IE	Irlande	NZ	Nouvelle-Zélande
BG	Bulgarie	IT	Italie	PL	Pologne
BJ	Bénin	JP	Japon	PT	Portugal
BR	Brésil	KE	Kenya	RO	Roumanie
BY	Bélarus	KG	Kirghizistan	RU	Fédération de Russie
CA	Canada	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CF	République centrafricaine	KR	République de Corée	SE	Suède
CG	Congo	KZ	Kazakhstan	SG	Singapour
CH	Suisse	LI	Liechtenstein	SI	Slovénie
CI	Côte d'Ivoire	LK	Sri Lanka	SK	Slovaquie
CM	Cameroun	LR	Libéria	SN	Sénégal
CN	Chine	LT	Lituanie	SZ	Swaziland
CS	Tchécoslovaquie	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CZ	République tchèque	LV	Lettonie	TG	Togo
DE	Allemagne	MC	Monaco	TJ	Tadjikistan
DK	Danemark	MD	République de Moldova	TT	Trinité-et-Tobago
EE	Estonie	MG	Madagascar	UA	Ukraine
ES	Espagne	ML	Mali	UG	Ouganda
FI	Finlande	MN	Mongolie	US	Etats-Unis d'Amérique
FR	France	MR	Mauritanie	UZ	Ouzbékistan
GA	Gabon			VN	Viet Nam

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No
PCT/FR 96/02061

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 6 C12N15/12 C12N15/86 C12N5/10 C07K14/47 C07K14/82
A61K39/395 A61K48/00 C12Q1/68 G01N33/574 G01N33/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	J. BIOL. CHEM., vol. 268, no. 28, 5 October 1993, pages 21318-21327, XP002013539 LEE: "Purification, molecular cloning and sequencing of phospholipase C-beta4" see the whole document	1,3,7,17
A	---	26
X	HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 3, no. 3, 1994, pages 465-470, XP002013540 TODA: "Isolation and characterization of a novel gene encoding nuclear protein at a locus (D11S636) tightly linked to multiple endocrine neoplasia type 1 (MEN1)" see the whole document	4,7,17
A	---	26
	-/-	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

12 June 1997

Date of mailing of the international search report

30.06.97

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+ 31-70) 340-3016

Authorized officer

Gac, G

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Application No
PCT/FR 96/02061

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	DEVELOPMENT, vol. 117, no. 4, 1993, pages 1333-1343, XP000601972 DELLA: "Isolation and characterization of murine homologues of the Drosophila seven in absentia gene (sina)" see the whole document & DATABASE EMBL ID: MMSIAH1A, AC=Z19579, see the comparison or alignment of the nucleotide and protein sequences ---	1,3,7,17
A	FEBS LETT., vol. 374, no. 3, 6 November 1995, pages 384-386, XP002013541 GUENAL: "Studies of specific gene induction during apoptosis of cell lines conditionally immortalized by SV40" see the whole document ---	1-9,11, 15,26,31
A	WO 95 19367 A (LA JOLLA CANCER RESEARCH FOUNDATION) 20 July 1995 see the whole document ---	1-27
A	WO 95 11301 A (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MICHIGAN) 27 April 1995 see the whole document ---	1-27
A	ONCOGENE, vol. 9, no. 12, 1994, pages 3743-3751, XP000602314 ZHAN: "Induction of bax by genotoxic stress in human cells correlates with normal p53 status and apoptosis" see the whole document ---	1-27
Y	SCIENCE, vol. 257, 14 August 1992, pages 967-971, XP000508268 LIANG: "Differential display of eukaryotic messenger RMA by means of the polymerase chain reaction" cited in the application see the whole document ---	32
Y	NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 14, 25 July 1991, page 4008 XP002013542 DON: "Touchdown" PCR to circumvent spurious priming during gene amplification" cited in the application see the whole document ---	32
	-/--	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Application No

PCT/FR 96/02061

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>DATABASE EMBL ID: HS152227, AC= H72152, 2 November 1995 XP002019920 see the alignment of nucleotide and protein sequences; the descriptors & UNPUBLISHED, 1995, HILLIER ET AL.: ---</p>	1,3,7, 17,26
A,P	<p>DATABASE EMBL ID: HS49264, AC=N31049, 12 January 1996 XP002019921 see the alignment of nucleotide and protein sequences; the descriptors. & UNPUBLISHED, 1996, HILLIER ET AL.: ---</p>	1,3,7, 17,26
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 9, 30 April 1996, pages 3953-3957, XP002032914 AMSON ET AL.: "Isolation of 10 differentially expressed cDNAs in p53-induced apoptosis : activation of the vertebrate homologue of Drosophila seven in absentia gene" see the whole document ---</p>	1-10,17, 19,21, 24,26,27
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 17, 20 August 1996, pages 9039-9042, XP000611649 NEMANI ET AL.: "Activation of the human homologue of the Drosophila sina gene in apoptosis and tumor suppression" see the whole document ---</p>	1-3,5-7, 17,19,26
A	<p>NATURE, vol. 375, 29 June 1995, pages 754-760, XP002032915 SHERRINGTON ET AL.: "Cloning of a gene bearing missense mutations in early-onset familial Alzheimer's disease" cited in the application see the whole document ---</p>	1,8,10, 25,28,29
A	<p>AUSTRALIAN AND NEW ZEALAND JOURNAL OF MEDICINE, vol. 25, no. 6, December 1995, pages 845-851, XP000610669 DELLA N G ET AL: "A COMBINED GENETIC AND BIOCHEMICAL APPROACH TO MAMMALIAN SIGNAL TRANSDUCTION" see the whole document -----</p>	1,3,7

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 96/02061

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9519367 A	20-07-95	US 5484710 A	16-01-96
WO 9511301 A	27-04-95	AU 7983294 A	08-05-95

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Den. : Internationale No
PCT/FR 96/02061

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE CIB 6 C12N15/12 C12N15/86 C12N5/10 C07K14/47 C07K14/82 A61K39/395 A61K48/00 C12Q1/68 G01N33/574 G01N33/68		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB		
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) CIB 6 C12N C07K A61K		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si cela est réalisable, termes de recherche utilisés)		
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	J. BIOL. CHEM., vol. 268, no. 28, 5 Octobre 1993, pages 21318-21327, XP002013539 LEE: "Purification, molecular cloning and sequencing of phospholipase C-beta4" voir le document en entier	1,3,7,17
A	---	26
X	HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 3, no. 3, 1994, pages 465-470, XP002013540 TODA: "Isolation and characterization of a novel gene encoding nuclear protein at a locus (D11S636) tightly linked to multiple endocrine neoplasia type 1 (MEN1)" voir le document en entier	4,7,17
A	---	26
-/-		
<input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents		<input checked="" type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe
* Catégories spéciales de documents cités: "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée) "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention "X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément "Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier "&" document qui fait partie de la même famille de brevets		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée 12 Juin 1997		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale 30.06.97
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax (+ 31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé Gac, G

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. Internationale No
PCT/FR 96/02061

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>DEVELOPMENT, vol. 117, no. 4, 1993, pages 1333-1343, XP000601972 DELLA: "Isolation and characterization of murine homologues of the Drosophila seven in absentia gene (sina)" voir le document en entier & DATABASE EMBL ID: MMSIAH1A, AC=Z19579, voir la comparaison / l'alignement des séquences nucléotidiques et protéiques ---</p>	1,3,7,17
A	<p>FEBS LETT., vol. 374, no. 3, 6 Novembre 1995, pages 384-386, XP002013541 GUENAL: "Studies of specific gene induction during apoptosis of cell lines conditionally immortalized by SV40" voir le document en entier ---</p>	1-9,11, 15,26,31
A	<p>WO 95 19367 A (LA JOLLA CANCER RESEARCH FOUNDATION) 20 Juillet 1995 voir le document en entier ---</p>	1-27
A	<p>WO 95 11301 A (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MICHIGAN) 27 Avril 1995 voir le document en entier ---</p>	1-27
A	<p>ONCOGENE, vol. 9, no. 12, 1994, pages 3743-3751, XP000602314 ZHAN: "Induction of bax by genotoxic stress in human cells correlates with normal p53 status and apoptosis" voir le document en entier ---</p>	1-27
Y	<p>SCIENCE, vol. 257, 14 Août 1992, pages 967-971, XP000508268 LIANG: "Differential display of eukaryotic messenger RNA by means of the polymerase chain reaction" cité dans la demande voir le document en entier ---</p>	32
Y	<p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 14, 25 Juillet 1991, page 4008 XP002013542 DON: "'Touchdown" PCR to circumvent spurious priming during gene amplification" cité dans la demande voir le document en entier ---</p>	32
	-/-	

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dern. : Internationale No
PCT/FR 96/02061

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>DATABASE EMBL ID: HS152227, AC= H72152, 2 Novembre 1995 XP002019920 voir l'alignements des séquences nucléotidiques et protéiques; les descripteurs & UNPUBLISHED, 1995, HILLIER ET AL.: ---</p>	1,3,7, 17,26
A,P	<p>DATABASE EMBL ID: HS49264, AC=N31049, 12 Janvier 1996 XP002019921 Voir l'alignement des séquences nucléotidiques et protéiques; les descripteurs. & UNPUBLISHED, 1996, HILLIER ET AL.: ---</p>	1,3,7, 17,26
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 9, 30 Avril 1996, pages 3953-3957, XP002032914 AMSON ET AL.: "Isolation of 10 differentially expressed cDNAs in p53-induced apoptosis : activation of the vertebrate homologue of Drosophila seven in absentia gene" voir le document en entier ---</p>	1-10,17, 19,21, 24,26,27
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 17, 20 Août 1996, pages 9039-9042, XP000611649 NEMANI ET AL.: "Activation of the human homologue of the Drosophila sina gene in apoptosis and tumor suppression" voir le document en entier ---</p>	1-3,5-7, 17,19,26
A	<p>NATURE, vol. 375, 29 Juin 1995, pages 754-760, XP002032915 SHERRINGTON ET AL.: "Cloning of a gene bearing missense mutations in early-onset familial Alzheimer's disease" cité dans la demande voir le document en entier ---</p>	1,8,10, 25,28,29
A	<p>AUSTRALIAN AND NEW ZEALAND JOURNAL OF MEDICINE, vol. 25, no. 6, Décembre 1995, pages 845-851, XP000610669 DELLA N G ET AL: "A COMBINED GENETIC AND BIOCHEMICAL APPROACH TO MAMMALIAN SIGNAL TRANSDUCTION" voir le document en entier -----</p>	1,3,7

